


(19)  **Europäisches Patentamt**
European Patent Office
Office européen des brevets



(11) **EP 0 714 982 A2**

(12) **EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG**

(43) Veröffentlichungstag:
05.06.1996 Patentblatt 1996/23

(51) Int. Cl.⁶: **C12N 15/62, C12N 9/64,**
C12N 9/72, C07K 14/815,
A61K 38/49, A61K 38/55

(21) Anmeldenummer: 95118050.4

(22) Anmeldetag: 16.11.1995

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LI LU MC NL
PT SE

(30) Priorität: 30.11.1994 DE 4442665

(71) Anmelder: Grünenthal GmbH
D-52078 Aachen (DE)

(72) Erfinder:
• Wnendt, Stephan, Dr.
D-52076 Aachen (DE)
• Steffens, Gerd Josef, Prof. Dr.
D-52072 Aachen (DE)
• Janocha, Elke
D-52441 Linnich (DE)
• Heinzel-Wieland, Regina, Dr.
D-64295 Darmstadt (DE)

(54) **Chimäre Proteine mit fibrinolytischen und thrombinhemmenden Eigenschaften**

(57) Es werden chimäre Proteine mit fibrinolytischen und thrombinhemmenden Eigenschaften beschrieben, die am C-terminalen Ende der Plasminogen aktivierenden Aminosäuresequenz mit einer Thrombin hemmenden Aminosäuresequenz verknüpft sind.

EP 0 714 982 A2

Beschreibung

Die Erfindung betrifft chimäre Proteine mit fibrinolytischen und thrombinhemmenden Eigenschaften, die am C-terminalen Ende der Plasminogen aktivierenden Aminosäuresequenz mit einer Thrombin hemmenden Aminosäuresequenz verknüpft sind, Plasmide zur Herstellung dieser Polypeptide sowie Thrombolytika, die als Wirkstoff ein derartiges Polypeptid enthalten.

In allen Industrieländern stellen Herz-Kreislauferkrankungen zur Zeit die häufigste Todesursache dar. Besondere Bedeutung kommt dabei den akuten thrombotischen Verschlüssen zu, deren Entstehung im Falle des Herzinfarkts innerhalb kürzester Zeit zu einer lebensbedrohlichen Unterversorgung des Herzmuskels führt. Ähnliches gilt für den Hirninfarkt, wobei hier die intracerebralen Verschlüsse mit massiven ischämischen Schädigungen der betroffenen Hirnareale einhergehen. Im Gegensatz zum Herzinfarkt, der mit hohen Mortalitätsraten verbunden ist, führt die Unterversorgung beim Hirninfarkt in der Regel nicht zu akuten lebensbedrohlichen Situationen sondern durch Ausfall bestimmter Gehirnfunktionen zu einer starken Beeinträchtigung der täglichen Lebensweise und damit teilweise zu einem drastischen Verlust der Lebensqualität für die Betroffenen. Für beide Infarktformen gilt generell, daß die von den betroffenen Arterien versorgten Bezirke innerhalb weniger Stunden - ohne eine Therapie- irreversibel geschädigt werden. Weitere thrombotische Verschlüßerkrankungen, die einer Behandlung bedürfen, sind die Lungenembolie, die Venenthrombose und periphere arterielle Verschlüßerkrankungen.

Der durch einen Thrombus hervorgerufene Verschuß eines Blutgefäßes bildet sich meist an einer arteriosklerotischen Läsion aus Fibrin, Thrombozyten und Erythrozyten unter Einwirkung verschiedener Enzyme des Blutgerinnungssystems. Innerhalb der Enzymkaskade des Gerinnungssystems spielt Thrombin eine prominente Rolle. Thrombin kann alle wichtigen Enzyme des Gerinnungssystems aktivieren, die Aggregation von Thrombozyten induzieren und zur Bildung eines Fibrinospinstes durch Umsetzung von Fibrinogen zu Fibrin führen (Furie und Furie in New Engl. J. Med. 326, 800 (1992)).

Die Bildung von Thromben wird durch physiologische Antikoagulantien, beispielsweise Antithrombin III, aktiviertes Protein C und Tissue Factor Pathway Inhibitor, begrenzt. Einmal gebildete Thromben können durch Einwirkung von körpereigenem Plasmin wieder aufgelöst werden. Plasmin entsteht aus einem inaktiven Proenzym, dem Plasminogen, das durch Plasminogenaktivatoren proteolytisch aktiviert wird. Die durch Plasmin hervorgerufene Thrombolysse wird therapeutisch genutzt, indem Patienten mit thrombotischen Erkrankungen, insbesondere Patienten mit akutem Herzinfarkt, mit Plasminogenaktivatoren behandelt werden. Ziel der therapeutischen Intervention ist das betroffene Infarktareal zu verkleinern und die Mortalitätsrate zu senken. Zur Zeit stehen für diese Therapie Streptokinase, APSAC (Anisolated Plasminogen Streptokinase Activator Complex), zweikettige Urokinase (UK), rekombinante, einkettige Urokinase (rekombinante Prourokinase) und Gewebeplasminogenaktivator (t-PA) zur Verfügung (Collen und Lijnen in Blood 78, 3114 (1991)). Aus den bisher vorliegenden Erfahrungen der Lysetherapie geht eindeutig hervor, daß die Wiedereröffnung der verschlossenen Koronargefäße innerhalb weniger Stunden, d.h. 1 bis 4 Stunden nach dem Eintritt des Infarkts die besten funktionellen Ergebnisse liefert. Um das Ziel einer optimalen Reperfusion zu erreichen, müßte bei der Mehrzahl der Fälle der Therapiebeginn eigentlich noch vor der stationären Aufnahme beginnen. Dies ist aber nur mit einem nebenwirkungsarmen und sicheren Fibrinolytikum möglich, auch im Hinblick auf die zu diesem Zeitpunkt noch unsichere Diagnosestellung. Alle Fibrinolytika der sogenannten ersten Generation, wie Streptokinase, APSAC und Urokinase erzeugen jedoch in der notwendigen Dosierung bei der Behandlung des akuten Infarkts eine generalisierte Plasminogenaktivierung, was mit einem hohen Blutungsrisiko einhergeht. Auch die Verwendung von Fibrinolytika der sogenannten zweiten Generation, t-PA und Prourokinase führt bei vielen Infarktpatienten zu einer systemischen Plasminogenaktivierung. Zur erfolgreichen Reperfusion und zur Vermeidung von Reokklusionen müssen sowohl t-PA als auch Prourokinase in hohen Dosen eingesetzt werden, die zu einer deutlichen Fibrinogenolyse, also einer systemischen Plasminogenaktivierung führen. Dies stimmt mit der Beobachtung überein, daß in den bisherigen Studien keine signifikanten Unterschiede in der Häufigkeit von Blutungskomplikationen zwischen den mit tPA oder Prourokinase und den mit Streptokinase behandelten Patienten nachgewiesen werden konnten.

Es werden daher verschiedene Ansätze verfolgt, um das pharmakologische Profil von Plasminogenaktivatoren zu verbessern. In der Entwicklung befinden sich Fledermaus-Plasminogenaktivatoren (Gardell et al. in J. Biol. Chem. 264, 17947 (1989); EP 383 417), Staphylokinase (Schlott et al. in Bio/Technology 12, 185 (1994); Collen und Van De Werf in Circulation 87, 1850 (1993)), der rekombinante Gewebeplasminogenaktivator BM 06.022 (Martin et al. in J. Cardiovasc. Pharm. 18, 111 (1991)) sowie die t-PA-Variante TNK-t-PA (Key et al. in Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 3670 (1994)).

Streptokinase, ein Protein hämolytischer Streptokokken, aktiviert humanes Plasminogen, indem es einen Komplex mit Plasminogen bildet und dadurch das Plasminogen in eine aktive Konformation überführt. Dieser Komplex selbst setzt freies Plasminogen zu Plasmin um, welches dann wiederum das an Streptokinase gebundene Plasminogen spaltet. Ähnlich wirkt auch Staphylokinase, ein aus Staphylococcus aureus gewonnenes Protein, das jedoch im Vergleich zu Streptokinase eine höhere Fibrinspezifität besitzt. Eine Weiterentwicklung der Streptokinase ist APSAC, eine in-vitro hergestellte Verbindung aus Streptokinase und menschlichem Plasminogen. APSAC besitzt aufgrund einer chemischen Modifikation des aktiven Zentrums des Plasminogens eine gegenüber Streptokinase erhöhte biologische Halbwertszeit.

Urokinase ist ein menschliches Protein, das in zwei Formen als proteolytisch aktives Protein aus Urin gewonnen werden kann: der hochmolekularen Urokinase (HUK) und der niedermolekularen Urokinase (LUK) (Stump et al. in J. Biol. Chem. 261, 1267 (1986)). HUK und LUK sind aktive Formen der Urokinase, d. h. Zweikettenmoleküle. Die Urokinase wird als einkettige Urokinase (Prourokinase) in verschiedenen Geweben gebildet und kann als Proenzym in geringen Mengen im menschlichen Blut nachgewiesen werden (Wun et al. in J. Biol. Chem. 257, 3276 (1982)). Die aktivierte Form der Prourokinase hat als HUK ein Molekulargewicht von 54 Kilodalton und besteht aus 3 Domänen: der amino-terminalen Growth-Factor-Domäne, dem Kringel und der Serin-Protease-Domäne (Günzler et al. in Hoppe-Seyler's Z. Physiol. Chem. 363, 1155 (1982); Steffens et al. in Hoppe-Seyler's Z. Physiol. Chem. 363, 1043 (1982)). Obwohl Prourokinase und Plasminogen als Proenzyme vorliegen, ist die Prourokinase aufgrund einer intrinsischen Aktivität in der Lage, Plasminogen in aktives Plasmin umzuwandeln. Die volle Aktivität erhält dieser Plasminogenaktivator aber erst, nachdem das gebildete Plasmin seinerseits die Prourokinase zwischen ¹⁵⁸Lysin und ¹⁵⁹Isoleucin gespalten hat (Lijnen et al. in J. Biol. Chem. 261, 1253 (1986)). Die gentechnische Gewinnung von Urokinase in *Escherichia coli* wurde erstmals von Heyneker et al. beschrieben (Proceedings of the IVth International Symposium on Genetics of Industrial Microorganisms 1982). Unglycosylierte Prourokinase (Saruplase) wird unter Verwendung eines synthetischen Gens hergestellt (Brigelius-Flohé et al. in Appl. Microbiol. Biotech. 36, 640 (1992)).

t-PA ist ein im Blut und im Gewebe vorkommendes Protein mit einem Molekulargewicht von 72 Kilodalton. Dieser Plasminogenaktivator besteht aus 5 Domänen: der aminoterminalen Finger-Domäne, der Growth-Factor-Domäne, dem Kringel 1, dem Kringel 2 und der Serin-Protease-Domäne. Wie Prourokinase wird t-PA durch eine plasminkatalysierte Spaltung zwischen Kringel 2 und der Serin-Protease-Domäne, d. h. zwischen ²⁷⁵Arg und ²⁷⁶Ile, in die aktive zweikettige Form überführt. In vitro-Studien und tierexperimentelle Ergebnisse weisen darauf hin, daß t-PA an Fibrin bindet und in seiner enzymatischen Aktivität durch Fibrin stimuliert wird (Collen und Lijnen in Blood 78, 3114 (1991)). Durch die Fibrinspezifität von t-PA sollte vermieden werden, daß Plasmin im gesamten Blutsystem gebildet und in der Folge nicht nur Fibrin, sondern auch Fibrinogen abgebaut wird. Eine solche systemische Plasminogenaktivierung sowie ein starker Abbau des Fibrinogens sind unerwünscht, da dies das Blutungsrisiko erhöht. Allerdings zeigte sich in der therapeutischen Praxis, daß die aus den präklinischen Studien abgeleiteten Erwartungen hinsichtlich der Fibrinspezifität von t-PA nicht erfüllt werden. Aufgrund der kurzen biologischen Halbwertszeit von t-PA müssen, wie bereits erwähnt, hohe Dosen infundiert werden, die trotz der Fibrinspezifität zu einer systemischen Plasminogenaktivierung führen (Keyt et al. in Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 3670 (1994)).

r-PA und TNK-t-PA sind t-PA-Varianten mit verbesserten Eigenschaften. Beim r-PA (BM 06.022) wurden die ersten drei t-PA-Domänen, d. h. die Fingerdomäne, die Growth-Factor-Domäne und der erste Kringel deletiert, so daß das verkürzte Molekül nur den zweiten Kringel und die Protease-Domäne enthält. r-PA wird gentechnisch in *Escherichia coli* hergestellt und ist nicht glykosyliert. Im Vergleich zu t-PA hat r-PA eine längere biologische Halbwertszeit und führt schneller zur Reperfusion. In Tierexperimenten zeigte sich, daß r-PA als Bolus appliziert gleich wirksam ist wie eine t-PA-Infusion (Martin et al. in J. Cardiovasc. Pharmacol. 18, 111 (1991)).

Die t-PA-Variante TNK-t-PA unterscheidet sich von natürlichem t-PA in drei Punkten: Austausch von ¹⁰³Threonin gegen Asparagin, wodurch eine neue Glykosylierungsstelle entstanden ist; Austausch von ¹¹⁷Asparagin gegen Glutamin, wodurch eine Glykosylierungsstelle entfernt ist und Austausch der Sequenz zwischen ²⁹⁶Lysin und ²⁹⁹Arginin gegen vier aufeinanderfolgende Alanin-Einheiten. Die Kombination dieser drei Mutationen ergibt ein Polypeptid mit höherer Fibrinspezifität und längerer biologischer Halbwertszeit verglichen mit natürlichem t-PA. Darüber hinaus ist TNK-t-PA wesentlich schlechter durch PAI-1 zu hemmen als natürliches t-PA (Keyt et al. in Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 3670 (1994)). Tierexperimentelle Ergebnisse, die mit einem Vorläufer von TNK-t-PA erzielt wurden, weisen darauf hin, daß sich TNK-t-PA zur Bolusapplikation eignet (Refino et al. in Thromb. Haemost. 70, 313 (1993)).

Der Fledermausplasminogenaktivator (bat-PA) kommt im Speichel der Fledermaus *Desmodus rotundus* vor. Dieser inzwischen auch gentechnisch hergestellte Plasminogenaktivator hat eine noch ausgeprägtere Fibrinspezifität als t-PA und zeigt im Tierversuch eine verbesserte Thrombolyse bei erhöhter biologischer Halbwertszeit und verminderter systemischer Plasminogenaktivierung (Gardell et al. in Circulation 84, 244 (1991)).

Bei der Behandlung thrombotischer Erkrankungen werden Plasminogenaktivatoren in der Regel zusammen mit einer antikoagulativen Substanz, beispielsweise Heparin, verabreicht. Dadurch wird eine bessere Thrombolyse erreicht als bei alleiniger Behandlung mit einem Plasminogenaktivator (Tebbe et al. in Z. Kardiologie 80, Suppl. 3, 32 (1991)). Verschiedene Befunde aus der Klinik weisen darauf hin, daß parallel zur Auflösung der Thromben eine erhöhte Gerinnungsneigung auftritt (Szczeklik et al. in Arterioscl. Thromb. 12, 548 (1992); Goto et al. in Angiology 45, 273 (1994)). Es wird angenommen, daß hierfür Thrombinmoleküle verantwortlich sind, die im Thrombus eingeschlossen sind und bei der Auflösung des Gerinnsels wieder freigesetzt werden. Desweiteren gibt es Hinweise, daß auch Plasminogenaktivatoren selbst die Aktivierung von Prothrombin beschleunigen und damit der Thrombolyse entgegenwirken (Brommer und Meijer in Thromb. Haemostas. 70, 995 (1993)). Antikoagulative Substanzen wie Heparin, Hirugen, Hirudin, Argatroban, Protein C und rekombinantes Tick Anticoagulant Peptide (TAP) können die verstärkte Reokklusionsneigung während der Thrombolyse unterbinden und damit den Erfolg der Lysetherapie verbessern (Yao et al. in Am. J. Physiol. 262 (Heart Circ. Physiol. 31) H 347 - H 379 (1992); Schneider in Thromb. Res. 64, 667 (1991); Gruber et al. in Circulation 84, 2454 (1991); Martin et al. in J. Am. Coll. Cardiol. 22, 914 (1993); Vlasuk et al. in Circulation 84, Suppl. II-467 (1991)).

Einer der stärksten Thrombininhibitoren ist das aus 65 Aminosäuren bestehende Hirudin aus dem Blutegel *Hirudo medicinalis*. Es gibt verschiedene Hirudin-Isoformen, die sich in einigen Aminosäuren unterscheiden. Alle Hirudin-Isoformen blockieren sowohl die Anbindung des Thrombins an ein Substrat, beispielsweise Fibrinogen, als auch das aktive Zentrum des Thrombins (Rydel et al. in *Science* **249**, 277 (1990); Bode und Huber in *Molecular Aspects of Inflammation*, Springer, Berlin, Heidelberg, 103 - 115 (1991); Stone und Hofsteenge in *Prot. Engineering* **2**, 295 (1991); Dodt et al. in *Biol. Chem. Hoppe-Seyler* **366**, 379 (1985). Darüber hinaus sind vom Hirudin abgeleitete kleinere Moleküle bekannt, die ebenfalls thrombininhibitorische Aktivität besitzen (Maraganore et al. in *Biochemistry* **29**, 7095 (1990); Krstenansky et al. in *J. Med. Chem.* **30**, 1688 (1987); Yue et al. in *Prot. Engineering* **5**, 77 (1992)).

Die Verwendung von Hirudin in Kombination mit einem Plasminogenaktivator zur Behandlung thrombotischer Erkrankungen ist in den europäischen Patentanmeldungen EP 328 957 und EP 365 468 beschrieben. Die Verwendung von Hirudin-Derivaten in Kombination mit einem Thrombolytikum ist aus der internationalen Patentanmeldung WO 91/01142 bekannt.

Hirullin ist ein aus dem Blutegel *Hirudo manillensis* isoliertes Protein mit 61 Aminosäuren. Hirullin gleicht in seiner Wirkung und Inhibitorstärke Hirudin, weicht jedoch in der Aminosäuresequenz stark von Hirudin ab. Auch von Hirullin konnten kleinere Moleküle abgeleitet werden, die Thrombin sehr gut hemmen (Krstenansky et al. in *Febs Lett.* **269**, 465 (1990)).

Desweiteren kann Thrombin auch durch ein Peptid gehemmt werden, das sich aus der amino-terminalen Sequenz des humanen Thrombinrezeptors ableitet (Vu et al. in *Nature* **253**, 674 (1991)). Der Thrombinrezeptor enthält in der extrazellulären, amino-terminalen Region eine thrombinbindende Sequenz mit benachbarter Spaltstelle für Thrombin. Diese Sequenz kann Thrombin hemmen, sofern die Spaltstelle durch einen Austausch von ⁴²Serin in ⁴²Phenylalanin maskiert ist.

Phaneuf et al. beschreiben in *Thromb. Haemost.* **71**, 481 (1994) einen Komplex, der aus einer zufälligen chemischen Verknüpfung von Streptokinase und Hirudin besteht. Die Fähigkeit, Plasminogen zu aktivieren, liegt jedoch bei diesem Streptokinase-Hirudin-Komplex um den Faktor 8 unter der unmodifizierten Streptokinase.

Die der Erfindung zugrundeliegende Aufgabe bestand in der Entwicklung von Wirkstoffen zur Behandlung thrombotisch bedingter Gefäßverschlüsse, die innerhalb sehr kurzer Zeit eine vollständige Thrombolyse bewirken und gleichzeitig den Wiederverschluß der Gefäße nach zunächst erfolgreicher Thrombolyse verhindern. Ferner soll mit diesen Wirkstoffen eine systemische Plasminogenaktivierung vermieden werden.

Es wurde nun gefunden, daß die an solche Wirkstoffe gestellten hohen Anforderungen von chimären Proteinen mit fibrinolytischen Eigenschaften erfüllt werden, die am C-terminalen Ende der Plasminogen aktivierenden Aminosäuresequenz eine Thrombin hemmende Aminosäuresequenz besitzen.

Gegenstand der Erfindung sind dementsprechend chimäre Proteine mit fibrinolytischen und thrombinhemmenden Eigenschaften, die am C-terminalen Ende der Plasminogen aktivierenden Aminosäuresequenz mit einer Aminosäuresequenz der Formel I (SEQ ID NO:1)

Ser-X₁-X₂-X₃-X₄-X₅-Pro-Arg-Pro-Y₁-Y₂-Y₃-Y₄-Asn-Pro-Z

verknüpft sind, in der X₁ Pro oder Leu, X₂ Gly, Val oder Pro, X₃ Lys, Val, Arg, Gly oder Glu, X₄ Ala, Val, Gly, Leu oder Ile, X₅ Gly, Phe, Trp, Tyr oder Val, Y₁ Phe, Tyr oder Trp, Y₂ Leu, Ala, Gly, Ile, Ser oder Met, Y₃ Leu, Ala, Gly, Ile, Ser oder Met, Y₄ Arg, Lys oder His und Z die Aminosäuresequenz der Formel II (SEQ ID NO:2)

Gly-Asp-Z₁-Glu-Glu-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln

mit Z₁ Phe oder Tyr

oder der Formel III (SEQ ID NO:3)

Asn-Asp-Lys-Tyr-Glu-Pro-Phe-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln

oder der Formel IV (SEQ ID NO:4)

Ser-Asp-Phe-Glu-Glu-Phe-Ser-Leu-Asp-Asp-Ile-Glu-Gln

oder der Formel V (SEQ ID NO:5)

Ser-Glu-Phe-Glu-Glu-Phe-Glu-Ile-Asp-Glu-Glu-Glu-Lys

bedeuten.

Die erfindungsgemäßen chimären Proteine binden über die Thrombin-hemmende Aminosäuresequenz der Formel I an Thrombin, wodurch am Gerinnsel hohe Konzentrationen an chimärem Protein erreicht werden. Da die beim akuten Herz- oder Hirninfarkt gebildeten Gerinnsel reich an Thrombin sind, bietet die Thrombusspezifität der erfindungsgemäßen Proteine die Möglichkeit, die thrombolytische Wirksamkeit und Selektivität der Plasminogenaktivatoren zu erhöhen. Hierdurch wird eine systemische Plasminogenaktivierung und Fibrinogenolyse vermieden und die Sicherheit der Wirkstoffe deutlich erhöht. Durch die Thrombusspezifität kann auch die Dosierung im Vergleich zu herkömmlichen Plasminogenaktivatoren verringert werden, was wiederum die Sicherheit des Präparates steigert. Gleichzeitig ist zu erwarten, daß die Dosierung der antikoagulativen Komedikamentation (z.B. mit Heparin) bei der Verwendung der erfindungsgemäßen Proteine reduziert werden kann. Darüber hinaus ist auch der Verzicht auf ein zusätzliches Antikoagulans möglich.

Bevorzugte chimäre Proteine enthalten als Plasminogen aktivierende Aminosäuresequenz die unveränderte Aminosäuresequenz der Prourokinase, mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz der Prourokinase, die unveränderte Aminosäuresequenz der Urokinase, mindestens eine

durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz der Urokinase, die unveränderte Aminosäuresequenz des Gewebeplasminogenaktivators (t-PA), mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz von t-PA, die unveränderte Aminosäuresequenz des Fledermaus-Plasminogenaktivators (bat-PA), mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz von bat-PA, und/oder die Aminosäuresequenz von Streptokinase, Staphylokinase und/oder APSAC.

Die Plasminogen aktivierende Aminosäuresequenz in den erfindungsgemäßen Proteinen enthält insbesondere die unveränderte Aminosäuresequenz von Prourokinase, mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz der Prourokinase, die unveränderte Aminosäuresequenz von t-PA und/oder mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz von t-PA. Besonders bevorzugt werden Proteine, deren Plasminogen aktivierende Aminosäuresequenz aus der aus 411 Aminosäuren bestehenden Sequenz der Prourokinase, in der die Aminosäure in Position 407 Asn oder Gln ist, aus der Aminosäuresequenz ⁴⁷Ser bis ⁴¹¹Leu der Prourokinase, in der die Aminosäure in Position 407 Asn oder Gln ist, aus der Aminosäuresequenz ¹³⁸Ser bis ⁴¹¹Leu der Prourokinase, in der die Aminosäure in Position 407 Asn oder Gln ist, aus der unveränderten, aus 527 Aminosäuren bestehenden Sequenz von t-PA, aus der Aminosäuresequenz Ser-⁸⁹Arg bis ⁵²⁷Pro von t-PA und/oder aus der Aminosäuresequenz ¹⁷⁴Ser bis ⁵²⁷Pro von t-PA besteht.

In den chimären Proteinen ist die Plasminogen aktivierende Aminosäuresequenz am C-terminalen Ende vorzugsweise mit einer Thrombin hemmenden Aminosäuresequenz der Formel I verknüpft, in der X₁ Pro, X₂ Val, X₃ Lys oder Val, X₄ Ala und X₅ Phe bedeuten. In der Aminosäuresequenz der Formel I steht Y₁ vorzugsweise für Phe, Y₂ vorzugsweise für Leu, Y₃ vorzugsweise für Leu und Y₄ vorzugsweise für Arg. Die Variable Z in der Aminosäuresequenz der Formel I steht insbesondere für eine Aminosäuresequenz der Formeln II oder IV.

Im Vergleich zu bekannten Plasminogenaktivatoren, zu bekannten Mischungen aus einem Plasminogenaktivator und einem Thrombininhibitor sowie zu dem bekannten Streptokinase-Hirudin-Komplex zeichnen sich die erfindungsgemäßen Proteine durch eine stärkere fibrinolytische Wirkung, verbunden mit überraschend guten Thrombin inhibierenden Eigenschaften aus. Darüber hinaus wird von den erfindungsgemäßen Polypeptiden Plasmafibrinogen in deutlich geringeren Mengen verbraucht. Die hieraus resultierende signifikant höhere Fibrinspezifität, insbesondere auch im Vergleich zu den bekannten Mischungen eines Plasminogenaktivators und eines Thrombininhibitors, bewirkt, daß die Gerinnungsfähigkeit des Blutes nur wenig beeinflusst wird und die Gefahr von unkontrollierten Blutungen als mögliche Komplikation eines systemischen Fibrinogenabbaus minimiert ist. Die hohe Fibrinspezifität der erfindungsgemäßen Proteine ermöglicht somit Bolusapplikationen mit deutlich herabgesetzten Blutungsrisiko im Vergleich zu Bolusapplikationen bekannter Thrombolytika.

Weiterer Erfindungsgegenstand sind dementsprechend Thrombolytika, die als Wirkstoff ein erfindungsgemäßes Protein enthalten.

Zur Behandlung thrombotisch bedingter Gefäßverschlüsse, beispielsweise Herzinfarkt, Hirninfarkt, peripherer, akuter Arterienverschluß, Lungenembolie, instabile Angina Pectoris und tiefe Bein- und Beckenvenenthrombose, werden 0,1 bis 1 mg pro kg eines erfindungsgemäßen Polypeptides benötigt. Die erfindungsgemäßen Proteine können parenteral durch Bolusinjektion oder Infusion verabreicht werden.

Die erfindungsgemäßen Thrombolytika enthalten neben mindestens einem erfindungsgemäßen Polypeptid Hilfsstoffe, beispielsweise Trägermaterialien, Lösungsmittel, Verdünnungsmittel, Farbstoffe und Bindemittel. Die Auswahl dieser Hilfsstoffe sowie die einzusetzenden Mengen derselben hängt davon ab, wie das Arzneimittel appliziert werden soll und bereitet dem Fachmann keinerlei Probleme.

Die Herstellung der erfindungsgemäßen Proteine erfolgt mittels gentechnischer Verfahren. Dazu werden die entsprechenden Gene aus synthetischen Oligonukleotiden in geeignete Plasmide cloniert und unter Kontrolle des trp- oder tac-Promotors, insbesondere unter Kontrolle des trp-Promotors, in *Escherischia coli* exprimiert.

Erfindungsgegenstand sind dementsprechend auch Plasmide zur Verwendung bei der Herstellung chimärer Proteine, deren Operon einen regulierbaren Promotor, eine als Ribosomenbindestelle wirksame Shine-Dalgarno-Sequenz, ein Startcodon, ein synthetisches Strukturgen für ein erfindungsgemäßes Protein und stromabwärts vom Strukturgen ein oder zwei Terminatoren aufweist.

Die Expression der erfindungsgemäßen Plasmide wird in *Escherischia coli*-Stämmen, insbesondere in *Escherischia coli*-Stämmen der Gruppe K 12, beispielsweise *E. coli* K 12 JM 101 (ATCC 33876), *E. coli* K 12 JM 103 (ATCC 39403), *E. coli* K 12 JM 105 (DSM 4162) und *E. coli* K 12 DH 1 (ATCC 33849) durchgeführt. In der bakteriellen Zelle fallen die erfindungsgemäßen Polypeptide in hoher Ausbeute in Einschußkörpern an, in denen das Protein in denaturierter Form vorliegt. Nach Isolierung der Einschußkörper wird das denaturierte Protein proteinchemisch unter Einwirkung eines Redox-Systems in die gewünschte Tertiärstruktur zurückgefaltet.

Beispiele

1. Darstellung, Isolierung und Reinigung erfindungsgemäßer Proteine

5 a) Klonierungsarbeiten

Die Expressionsplasmide für die gentechnische Herstellung der erfindungsgemäßen Polypeptide in *Escherichia coli* wurden in an sich bekannter Weise hergestellt. Die Abfolge der einzelnen Herstellungsschritte ist in den Abbildungen 1 bis 12 dargestellt. Ausgangsprodukte der Plasmidherstellung waren die Plasmide pBlueskript KS II + (Firma Stratagene, Heidelberg), pUC8 (Fa. Pharmacia, Freiburg) sowie pGR201. pGR201 ist identisch mit dem in EP 408 945 und Appl. Microbiol. Biotechn. 36, 640 - 649 (1992) beschriebenen Plasmid pBF160. Die Restriktionsendonukleasen BanII, BamHI, ClaI, HindIII, NcoI, NdeI, NheI und NotI sowie die DNA-modifizierenden Enzyme, wie die alkalische Phosphatase, T4-Ligase, T4-Kinase und T7-Polymerase, wurden von den Firmen Pharmacia, Stratagene, Boehringer Mannheim und Gibco (Eggenstein) bezogen. Die Veränderungen der Plasmide während ihrer Herstellung wurden durch Restriktionsanalyse und DNA-Sequenzierung überprüft. Die DNA-Sequenzierung wurde nach den Vorschriften des Herstellers mit einer Reagenziensammlung der Firma Pharmacia durchgeführt. Bei der Herstellung der Plasmide wurden verschiedene Oligodesoxyribonukleotide (Oligos) eingesetzt, deren Sequenzen zusammen mit den zugehörigen Bezeichnungen in Tabelle 1 angegeben sind.

Die Oligodesoxybonukleotide wurden in detrithylierter Form im 0,1 µMol-Maßstab mit einem Synthesizer (Modell 391) der Firma Applied Biosystems (Weiterstadt) nach den Angaben des Herstellers unter Verwendung von β-cyanoethyl-geschützten Diisopropylaminophosphamiditen gefertigt. Je 100 pmol Oligodesoxyribonukleotid wurden in 50 mM Tri(hydroxymethyl)aminomethan/HCl (Tris/HCl), 10 mM Magnesiumchlorid und 5 mM Dithiothreitol bei einem pH-Wert von 7,5 mit einer Enzymeinheit T4-Kinase in Anwesenheit von 10 mM Adenosintriphosphat phosphoryliert und anschließend im gleichen Puffer zu doppelsträngigen DNA-Molekülen umgeformt. Die erhaltenen synthetischen, doppelsträngigen DNA-Moleküle wurden durch Gelelektrophorese auf einem Polyacrylamidgel (5% Polyacrylamid) gereinigt und anschließend in die Ligation mit den entsprechend vorbereiteten Plasmiden eingesetzt. Die Vorbereitung der Plasmide durch Verdauung mit Restriktionsenzymen, Isolierung der entsprechenden Restriktionsfragmente und Dephosphorylierung der 5'-Enden, die nachfolgende Ligation und die Transformation in *E. coli* K12 JM103 sowie alle weiteren gentechnischen Arbeiten wurden in an sich bekannter Weise durchgeführt und sind in Sambrook et al. "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbour, USA, 1989 angegeben.

Tabelle 1:

Oligo	Sequenz von 5' nach 3' geschrieben
O 105 SEQ ID NO:6	TATGAGCAAACTTGCTACGAAGGTAACGGTCACTTCTACC GTGGTAAGGCTTCTACCGACAC
O 106 SEQ ID NO:7	CATGGTGTCGGTAGAAGCCTTACCACGGTAGAAGTGACCGT TACCTTCGTAGCAAGTTTTGCTCA
O 220 SEQ ID NO:8	CGGTTAAGGCTTTCCCGAGGCCTGGTGGTGGTAACGGT GACTTCGAAGAAATCCCGGAAGAGTACCTGTGATAGGATCA A

5	O 221 SEQ ID NO:9	CTAGTTGATCCTATCACAGGTACTCTTCCGGGATTTCTTCG AAGTCACCGTTACCACCACCACCAGGCCTCGGGAAAGCCTT AACCGGGCT
10	O 265 SEQ ID NO:10	CACCCGGCGGAGACGGCGGGCTCAGAGCCAGACCGTTTTCTT CTTTGGTGTGAGAACG
15	O 281 SEQ ID NO:11	CGTCCGGGTGGTGGTGGTAACGGTGACTTCGAAGAAATCCC GGAAGAATACCTGTAAG
20	O 282 SEQ ID NO:12	GATCCGTTCTCACACCAAAGAAGAAAACGGTCTGGCTCTGA GCCCCCGGTCTCCGCCGGGTGGTTTCCCG
25	O 283 SEQ ID NO:13	CTAGCTTACAGGTATTCTTCCGGGATTTCTTCGAAGTCACCG TTACCACCACCACCCGGACGCGGGAAAC
30	O 329 SEQ ID NO:14	AAGAAATCCCGGAAGAATACCTGCAATAAG
35	O 330 SEQ ID NO:15	CGGTTAAGGCTTGGGGACCGCGGCCGCTGGGTGGTGGTGGTA ACGGTGACTTCG
40	O 331 SEQ ID NO:16	ACCACCACCCAGCGGCCGCGGTCCCCAAGCCTTAACCGGGCT
45	O 332 SEQ ID NO:17	CTAGCTTATTGCAGGTATTCTTCCGGGATTTCTTCGAAGTCA CCGTTACC
50	O 347 SEQ ID NO:18	CGGTTGTTGCTTTCCCGC
55	O 348 SEQ ID NO:19	GGCCGCGGGAAAGCAACAACCGGGCT
	O 545 SEQ ID NO:20	CTAGCTTATTGCAGGTATTCTTCGAACGGTTCGTATTTGTC GTTAGGGTTACGCAGCAGGAAA
	O 546 SEQ ID NO:21	GGCCTTTCCTGCTGCGTAACCCTAACGACAAATACGAACCG TTCGAAGAATACCTGCAATAAC
	O 615 SEQ ID NO:22	CTAGCTTATTGCAGGTATTCTTCCGGGATTTCTTCGAAGTC ACCAGGGTTACGCAGCAGGAAA
	O 618 SEQ ID NO:23	GGCCTTTCCTGCTGCGTAACCCTGGTGACTTCGAAGAAATC CCGGAAGAATACCTGCAATAAG

b) Herstellung von Dauerkulturen und Fermentation

Die rekombinanten Expressionsplasmide pSE1 (M 38) und pSE9 (M 37) wurden in E.coli K12 JM103 (ATCC 39403) eingebracht und auf Standard-I-Nähragar (Firma Merck, 150 mg/l Ampicillin) ausgestrichen (Sambrook et al. "Molecular Cloning: A Laboratory Manual"). Jeweils eine einzelne Kolonie einer jeden Transformation wurde in Standard-

I-Nährbouillon (Fa. Merck, pH 7,0; 150 mg/l Ampicillin) bei 20°C bis zur optischen Dichte (OD) von 1 bei 578 nm kultiviert, in Portionen von 2 ml als Dauerkultur unter Zusatz von Dimethylsulfoxid (DMSO) (7,5 % Endkonzentration) bei -70°C eingefroren und aufbewahrt. Zur Gewinnung der erfindungsgemäßen Polypeptide wurde jeweils 1 ml einer jeden Dauerkultur in 20 ml Standard-I-Nährbouillon (pH 7,0; 150 mg/l Ampicillin) suspendiert und bei 37°C bis zur OD von 1 bei 578 nm kultiviert.

Anschließend wurde die gesamte Menge der erhaltenen Kultur in 1 l Standard-I-Nährbouillon (pH 7,0; 150 mg/l Ampicillin) suspendiert und in Schüttelkolben bei 37°C fermentiert. Die Induktion erfolgte durch Zusatz von 2 ml Indolacrylessigsäurelösung (60 mg in 2 ml Ethanol) bei einer OD von 0,5 bis 1 bei 578 nm.

c) Expressionstestung

Zur Testung der Expressionsrate wurden unmittelbar vor der Induktion und jede Stunde nach der Induktion (insgesamt 6 Stunden) Zellen entsprechend 1 ml einer Zellsuspension mit einer OD von 1 bei 578 nm zentrifugiert. Die sedimentierten Zellen wurden mit Lysozym (1 mg Lysozym pro ml in 50 mM Tris/HCl-Puffer, pH 8,0, 50 mM Ethylen-diamintetraessigsäure (EDTA) und 15 % Saccharose) aufgeschlossen. Das Homogenat der lysierten Zellen wurde in 4 - 5 M Guanidiniumhydrochloridlösung solubilisiert und nach Verdünnen auf 1,2 M Guanidiniumhydrochlorid unter Zusatz eines Reduktionsmittels (Glutathion oder Cystein) 2 - 5 Stunden der Rückfaltungsreaktion unterworfen (Winkler et al., Biochemistry 25 4041 bis 4045 (1986)). Die erhaltenen einkettigen erfindungsgemäßen Polypeptide wurden durch Zugabe von Plasmin in die entsprechenden zweikettigen Moleküle umgewandelt, deren Aktivität mit dem chromogenen Substrat pyro-Glu-Gly-Arg-p-nitroanilid bestimmt wurde. Die Aktivierung der erfindungsgemäßen Polypeptide mit Plasmin erfolgte in 50 mM Tris/HCl-Puffer, 12 mM Natriumchlorid, 0,02 % Tween 80 bei pH 7,4 und 37°C. Das Verhältnis erfindungsgemäßes Polypeptid zu Plasmin lag bei etwa 8.000 - 36.000 zu 1, bezogen auf Enzymeinheiten. Die Testinkubation erfolgte in 50 mM Tris/HCl-Puffer und 38 mM Natriumchlorid bei pH 8,8 in Gegenwart von 0,36 µM Aprotinin (zur Hemmung des Plasmins) und 0,27 mM Substrat pyro-Glu-Gly-Arg-p-nitroanilid bei 37°C. In Abhängigkeit von der Konzentration an erfindungsgemäßigem Polypeptid wurde die Reaktion nach 5 bis 60-minütiger Inkubation durch Zusatz von 50 %-iger Essigsäure gestoppt und die Extinktion bei 405 nm gemessen. Gemäß den Angaben des Herstellers des Substrats (Kabi Vitrum, Schweden) entspricht bei dieser Vorgehensweise eine Extinktionsänderung von 0,05 pro Minute bei 405 nm einer Urokinase-Aktivität von 25 Ploug-Einheiten pro ml Testlösung. Die erfindungsgemäßen Polypeptide wiesen spezifische Aktivitäten zwischen 120.000 und 155.000 Ploug-Einheiten pro mg Protein auf. Der Proteingehalt der Lösungen wurde mit dem BCA-Assay der Firma Pierce bestimmt.

d) Isolierung und Reinigung

Nach 6 Stunden wurde die unter den in 1b) beschriebenen Bedingungen durchgeführte Fermentation beendet (Dichte 5 - 6 OD bei 578 nm), und die Zellen wurden durch Zentrifugation gewonnen. Das Zellsediment wurde in 200 ml Wasser resuspendiert und im Hochdruckhomogenisator aufgeschlossen. Nach erneuter Zentrifugation wurde der Niederschlag, der die gesamte Menge an einkettigem, erfindungsgemäßigem Polypeptid enthielt, in 500 ml 5 M Guanidiniumhydrochlorid, 40 mM Cystein, 1 mM EDTA bei einem pH-Wert von 8,0 gelöst und mit 2000 ml 25 mM Tris/HCl mit einem pH-Wert von 9,0 verdünnt. Die Rückfaltungsreaktion war nach ca. 12 Stunden abgeschlossen.

Die erhaltenen erfindungsgemäßen Polypeptide wurden nach Zusatz von 8 g Kieselgel durch 2-stündiges Rühren vollständig an Kieselgel gebunden. Das beladene Kieselgel wurde abgetrennt und mit Acetat-Puffer (pH 4,0) gewaschen. Die Polypeptide wurden mit 0,5 M Trimethylammoniumchlorid (TMAC) in 0,1 M Acetat-Puffer (pH 4) eluiert. Nach zwei chromatographischen Trennungen (Kupfer-Chelat-Säule und Kationenaustauscher) wurden die Polypeptide in reiner Form erhalten. Durch N-terminale Sequenzanalyse wurde die Einkettigkeit nachgewiesen.

Die isolierten erfindungsgemäßen Polypeptide, deren Aminosäuresequenzen in den Abbildungen 13 bis 14 angegeben sind, zeigten in einem direkten Aktivitätstest mit dem chromogenen Substrat für Urokinase keine oder nur sehr geringe Aktivität (unter 1 %). Erst nach Spaltung mit Plasmin (Bedingungen sind in Abschnitt 1c) angegeben) wurde die volle Enzymaktivität erhalten. Die erfindungsgemäßen Polypeptide wurden demnach in E.coli K12 JM103 als einkettige Proteine exprimiert.

2. Bestimmung der thrombinhemmenden Wirkung

Die Inhibitoraktivität der erfindungsgemäßen Polypeptide wurde durch Messung der Thrombinzeit bestimmt, indem 200 µl einer 1 : 10 Verdünnung an humanem Citratplasma in Veronalpuffer mit 50 µl Thrombinlösung (0,2 Einheiten) und 50 µl einer wäßrigen Lösung enthaltend 0,4 - 30 µg eines erfindungsgemäßigem Polypeptides gemischt wurden. Dann wurde die Zeit bis zur Bildung eines Fibringespinnst gemessen (Thrombinzeit).

Die in Tabelle 2 aufgeführten Thrombinzeitwerte wurden in Anwesenheit von Prourokinase oder der erfindungsgemäßen Proteins M 37 und M 38 bestimmt. Im Gegensatz zu Prourokinase verlängern M 37 und M 38 dosisabhängig die Thrombinzeit und wirken somit als Inhibitoren der Gerinnung.

Tabelle 2

Protein [µg]	Thrombinzeit [sec]		
	Prourokinase	M37	M38
0	31	32	32
0,4		40	
0,8		79	
1,2		148	
1,6		195	
2,0		266	
4,0	31	>300	58
8,0			81
12,0			104
16,0			130
20,0	33		150
30,0	33		>300

SEQUENZPROTOKOLL

5

(1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

10

- (A) NAME: Gruenenthal GmbH
- (B) STRASSE: Zieglerstrasse 6
- (C) ORT: Aachen
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POSTLEITZAHL: 52078
- (G) TELEFON: 0241/5692599
- (H) TELEFAX: 0241/5692544

15

- (ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Chimaere Proteine mit fibrinolytischen und thrombinhemmenden Eigenschaften

- (iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 25

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

20

- (A) DATENTRÄGER: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (EPA)

25

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

30

- (A) LÄNGE: 16 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

- (v) ART DES FRAGMENTS: C-Terminus

35

(ix) MERKMAL:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: Modified-site
- (B) LAGE: 2..6
- (D) SONSTIGE ANGABEN: /product= "Xaa"
/label= Xaa
/note= "Pos 2: Xaa = Pro, Leu;
Pos 3: Xaa = Gly, Val, Pro
Pos 4: Xaa = Lys, Val, Arg, Gly, Glu
Pos 5: Xaa = Ala, Val, Gly, Leu, Ile
Pos 6: Xaa = Gly, Phe, Trp, Tyr, Val."

40

45

(ix) MERKMAL:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: Modified-site
- (B) LAGE: 9..16
- (D) SONSTIGE ANGABEN: /product= "Xaa"
/label= Xaa
/note= "Pos 10: Xaa = Phe, Tyr, Trp
Pos 11: Xaa = Leu, Ala, Gly, Ile, Ser, Met
Pos 12: Xaa = Leu, Ala, Gly, Ile, Ser, Met;
Pos 13: Xaa = Arg, Lys, His
Pos 16: Xaa = SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3,
SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5"

55

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Arg Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Pro Xaa
1 5 10 15

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

(v) ART DES FRAGMENTS: C-Terminus

(ix) MERKMAL:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: Modified-site
- (B) LÄNGE: 2..4
- (D) SONSTIGE ANGABEN: /product= "Xaa"
/label= Xaa
/note= "Pos 3: Xaa = Phe, Tyr"

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

Gly Asp Xaa Glu Glu Ile Pro Glu Glu Tyr Leu Gln
1 5 10

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

(v) ART DES FRAGMENTS: C-Terminus

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

Asn Asp Lys Tyr Glu Pro Phe Glu Glu Tyr Leu Gln
1 5 10

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 13 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

(v) ART DES FRAGMENTS: C-Terminus

5

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

10

Ser Asp Phe Glu Glu Phe Ser Leu Asp Asp Ile Glu Gln
1 5 10

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 5:

15

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 13 Aminosäuren
(B) ART: Aminosäure
(C) STRANGFORM:
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Peptid

20

(v) ART DES FRAGMENTS: C-Terminus

25

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

Ser Glu Phe Glu Glu Phe Glu Ile Asp Glu Glu Glu Lys
1 5 10

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 6:

30

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 63 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo O105"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iv) ANTISENSE: NEIN

45

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

TATGAGCAAA ACTTGCTACG AAGGTAACGG TCACTTCTAC CGTGGTAAGG CTTCTACCGA 60
CAC 63

50

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 65 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo O106"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

CATGGTGTGCG GTAGAAGCCT TACCACGGTA GAAGTGACCG TTACCTTCGT AGCAAGTTT 60
GCTCA 65

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 83 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo O220"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

CGGTTAAGGC TTTCCCGAGG CCTGGTGGTG GTGGTAACGG TGACTTCGAA GAAATCCCGG 60
AAGAGTACCT GTGATAGGAT CAA 83

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 91 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo O221"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

5 CTAGTTGATC CTATCACAGG TACTCTTCCG GGATTTCTTC GAAGTCACCG TTACCACCAC 60
CACCAGGCCT CGGGAAAGCC TTAACCGGGC T 91

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 10:

- 10 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 58 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0265"
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

25 CACCCGGCGG AGACGGCGGG CTCAGAGCCA GACCGTTTTT TCCTTTGGTG TGAGAACG 58

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 11:

- 30 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 58 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
35 (A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0281"
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTISENSE: NEIN
- 40

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

45 CGTCCGGGTG GTGGTGGTAA CGGTGACTTC GAAGAAATCC CGGAAGAATA CCTGTAAG 58

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 12:

- 50 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÄNGE: 70 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
- 55

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0282"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

GATCCGTTCT CACACCAAAG AAGAAAACGG TCTGGCTCTG AGCCCGCCGT CTCCGCCGGG 60
TGTTTCCCG 70

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 70 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0283"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

CTAGCTTACA GGTATTCTTC CGGGATTCT TCGAAGTCAC CGTTACCACC ACCACCCGGA 60
CGCGGGAAAC 70

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 30 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0329"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

AAGAAATCCC GGAAGAATAC CTGCAATAAG

30

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 55 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0330"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

CGGTTAAGGC CTTGGGGACC GCGGCCGCTG GGTGGTGGTG GTAACGGTGA CTTGC

55

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 42 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0331"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

ACCACCACCC AGCGGCCGCG GTCCCCAAGC CTTAACGGGG CT

42

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 50 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0332"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

5

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

CTAGCTTATT GCAGGTATTC TTCCGGGATT TCTTCGAAGT CACCGTTACC

50

10

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 18 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0347"

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

25

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

CGGTTGTTGC TTCCCGC

18

30

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 26 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
Nukleotidsequenz fuer Oligo 0348"

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

45

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

GGCCGCGGGA AAGCAACAAC CGGGCT

26

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 63 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

55

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
 (A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
 Nukleotidsequenz fuer Oligo 0545"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

CTAGCTTATT GCAGGTATTC TTCGAACGGT TCGTATTTGT CGTTAGGGTT ACGCAGCAGG 60
 AAA 63

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 63 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
 (A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
 Nukleotidsequenz fuer Oligo 0546"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

GGCCTTTCCT GCTGCGTAAC CCTAACGACA AATACGAACC GTTCGAAGAA TACCTGCAAT 60
 AAC 63

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 63 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure
 (A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA;
 Nukleotidsequenz fuer Oligo 0615"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

CTAGCTTATT GCAGGTATTC TTCCGGGATT TCTTCGAAGT CACCAGGGTT ACGCAGCAGG 60
AAA 63

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 63 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "Synthetische DNA; Nukleotidsequenz fuer Oligo 0618"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

GGCCTTTCCT GCTGCGTAAC CCTGGTGACT TCGAAGAAAT CCCGGAAGAA TACCTGCAAT 60
AAG 63

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 393 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM:
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

Met Ser Lys Thr Cys Tyr Glu Gly Asn Gly His Phe Tyr Arg Gly Lys
1 5 10 15
Ala Ser Thr Asp Thr Met Gly Arg Pro Cys Leu Pro Trp Asn Ser Ala
20 25 30
Thr Val Leu Gln Gln Thr Tyr His Ala His Arg Ser Asp Ala Leu Gln
35 40 45
Leu Gly Leu Gly Lys His Asn Tyr Cys Arg Asn Pro Asp Asn Arg Arg
50 55 60
Arg Pro Trp Cys Tyr Val Gln Val Gly Leu Lys Pro Leu Val Gln Glu
65 70 75 80
Cys Met Val His Asp Cys Ala Asp Gly Lys Lys Pro Ser Ser Pro Pro
85 90 95

5 Glu Glu Leu Lys Phe Gln Cys Gly Gln Lys Thr Leu Arg Pro Arg Phe
 100 105 110
 Lys Ile Ile Gly Gly Glu Phe Thr Thr Ile Glu Asn Gln Pro Trp Phe
 115 120 125
 Ala Ala Ile Tyr Arg Arg His Arg Gly Gly Ser Val Thr Tyr Val Cys
 130 135 140
 10 Gly Gly Ser Leu Ile Ser Pro Cys Trp Val Ile Ser Ala Thr His Cys
 145 150 155 160
 Phe Ile Asp Tyr Pro Lys Lys Glu Asp Tyr Ile Val Tyr Leu Gly Arg
 165 170 175
 15 Ser Arg Leu Asn Ser Asn Thr Gln Gly Glu Met Lys Phe Glu Val Glu
 180 185 190
 Asn Leu Ile Leu His Lys Asp Tyr Ser Ala Asp Thr Leu Ala His His
 195 200 205
 20 Asn Asp Ile Ala Leu Leu Lys Ile Arg Ser Lys Glu Gly Arg Cys Ala
 210 215 220
 Gln Pro Ser Arg Thr Ile Gln Thr Ile Cys Leu Pro Ser Met Tyr Asn
 225 230 235 240
 25 Asp Pro Gln Phe Gly Thr Ser Cys Glu Ile Thr Gly Phe Gly Lys Glu
 245 250 255
 Asn Ser Thr Asp Tyr Leu Tyr Pro Glu Gln Leu Lys Met Thr Val Val
 260 265 270
 30 Lys Leu Ile Ser His Arg Glu Cys Gln Gln Pro His Tyr Tyr Gly Ser
 275 280 285
 Glu Val Thr Thr Lys Met Leu Cys Ala Ala Asp Pro Gln Trp Lys Thr
 290 295 300
 35 Asp Ser Cys Gln Gly Asp Ser Gly Gly Pro Leu Val Cys Ser Leu Gln
 305 310 315 320
 Gly Arg Met Thr Leu Thr Gly Ile Val Ser Trp Gly Arg Gly Cys Ala
 325 330 335
 40 Leu Lys Asp Lys Pro Gly Val Tyr Thr Arg Val Ser His Phe Leu Pro
 340 345 350
 Trp Ile Arg Ser His Thr Lys Glu Glu Asn Gly Leu Ala Leu Ser Pro
 355 360 365
 45 Val Val Ala Phe Pro Arg Pro Phe Leu Leu Arg Asn Pro Gly Asp Phe
 370 375 380
 Glu Glu Ile Pro Glu Glu Tyr Leu Gln
 385 390

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 393 Aminosäuren

55

(B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM:
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

Met	Ser	Lys	Thr	Cys	Tyr	Glu	Gly	Asn	Gly	His	Phe	Tyr	Arg	Gly	Lys	1	5	10	15
Ala	Ser	Thr	Asp	Thr	Met	Gly	Arg	Pro	Cys	Leu	Pro	Trp	Asn	Ser	Ala	20	25	30	
Thr	Val	Leu	Gln	Gln	Thr	Tyr	His	Ala	His	Arg	Ser	Asp	Ala	Leu	Gln	35	40	45	
Leu	Gly	Leu	Gly	Lys	His	Asn	Tyr	Cys	Arg	Asn	Pro	Asp	Asn	Arg	Arg	50	55	60	
Arg	Pro	Trp	Cys	Tyr	Val	Gln	Val	Gly	Leu	Lys	Pro	Leu	Val	Gln	Glu	65	70	75	
Cys	Met	Val	His	Asp	Cys	Ala	Asp	Gly	Lys	Lys	Pro	Ser	Ser	Pro	Pro	85	90	95	
Glu	Glu	Leu	Lys	Phe	Gln	Cys	Gly	Gln	Lys	Thr	Leu	Arg	Pro	Arg	Phe	100	105	110	
Lys	Ile	Ile	Gly	Gly	Glu	Phe	Thr	Thr	Ile	Glu	Asn	Gln	Pro	Trp	Phe	115	120	125	
Ala	Ala	Ile	Tyr	Arg	Arg	His	Arg	Gly	Gly	Ser	Val	Thr	Tyr	Val	Cys	130	135	140	
Gly	Gly	Ser	Leu	Ile	Ser	Pro	Cys	Trp	Val	Ile	Ser	Ala	Thr	His	Cys	145	150	155	
Phe	Ile	Asp	Tyr	Pro	Lys	Lys	Glu	Asp	Tyr	Ile	Val	Tyr	Leu	Gly	Arg	165	170	175	
Ser	Arg	Leu	Asn	Ser	Asn	Thr	Gln	Gly	Glu	Met	Lys	Phe	Glu	Val	Glu	180	185	190	
Asn	Leu	Ile	Leu	His	Lys	Asp	Tyr	Ser	Ala	Asp	Thr	Leu	Ala	His	His	195	200	205	
Asn	Asp	Ile	Ala	Leu	Leu	Lys	Ile	Arg	Ser	Lys	Glu	Gly	Arg	Cys	Ala	210	215	220	
Gln	Pro	Ser	Arg	Thr	Ile	Gln	Thr	Ile	Cys	Leu	Pro	Ser	Met	Tyr	Asn	225	230	235	
Asp	Pro	Gln	Phe	Gly	Thr	Ser	Cys	Glu	Ile	Thr	Gly	Phe	Gly	Lys	Glu	245	250	255	
Asn	Ser	Thr	Asp	Tyr	Leu	Tyr	Pro	Glu	Gln	Leu	Lys	Met	Thr	Val	Val	260	265	270	

5
10
15
20
25

Patentansprüche

- 30 1. Chimäre Proteine mit fibrinolytischen und thrombinhemmenden Eigenschaften, die am C-terminalen Ende der Plasminogen aktivierenden Aminosäuresequenz mit einer Aminosäuresequenz der Formel I (SEQ ID NO:1)
Ser-X₁-X₂-X₃-X₄-X₅-Pro-Arg-Pro-Y₁-Y₂-Y₃-Y₄-Asn-Pro-Z
verknüpft sind, in der X₁ Pro oder Leu, X₂ Gly, Val oder Pro, X₃ Lys, Val, Arg, Gly oder Glu, X₄ Ala, Val, Gly, Leu
oder Ile, X₅ Gly, Phe, Trp, Tyr oder Val, Y₁ Phe, Tyr oder Trp, Y₂ Leu, Ala, Gly, Ile, Ser oder Met, Y₃ Leu, Ala, Gly,
35 Ile, Ser oder Met, Y₄ Arg, Lys oder His und Z die Aminosäuresequenz der Formel II (SEQ ID NO:2)
Gly-Asp-Z₁-Glu-Glu-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln
mit Z₁ Phe oder Tyr
oder der Formel III (SEQ ID NO:3)
Asn-Asp-Lys-Tyr-Glu-Pro-Phe-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln
40 oder der Formel IV (SEQ ID NO:4)
Ser-Asp-Phe-Glu-Glu-Phe-Ser-Leu-Asp-Asp-Ile-Glu-Gln
oder der Formel V (SEQ ID NO:5)
Ser-Glu-Phe-Glu-Glu-Phe-Glu-Ile-Asp-Glu-Glu-Glu-Lys
bedeuten.
- 45 2. Proteine nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Plasminogen aktivierende Aminosäuresequenz die unveränderte Aminosäuresequenz der Prourokinase, mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz der Prourokinase, die unveränderte Aminosäuresequenz der Urokinase, mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz der Urokinase, die unveränderte Aminosäuresequenz des Gewebeplasminogenaktivators (t-PA), mindestens
50 eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz von t-PA, die unveränderte Aminosäuresequenz des Fledermaus-Plasminogenaktivators (bat-PA), mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz von bat-PA und/oder die Aminosäuresequenz von Streptokinase, Staphylokinase und/oder APSAC enthält.
- 55 3. Proteine nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß die Plasminogen aktivierende Aminosäuresequenz die unveränderte Aminosäuresequenz von Prourokinase, mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz der Prourokinase, die unveränderte Aminosäuresequenz von

t-PA und/oder mindestens eine durch Deletion, Substitution, Insertion und/oder Addition modifizierte Aminosäuresequenz von t-PA enthält.

4. Proteine nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß die Plasminogen aktivierende Aminosäuresequenz aus der aus 411 Aminosäuren bestehenden Sequenz der Prourokinase, in der die Aminosäure in Position 407 Asn oder Gln ist, aus der Aminosäuresequenz ⁴⁷Ser bis ⁴¹¹Leu der Prourokinase, in der die Aminosäure in Position 407 Asn oder Gln ist, aus der Aminosäuresequenz ¹³⁸Ser bis ⁴¹¹Leu der Prourokinase, in der die Aminosäure in Position 407 Asn oder Gln ist, aus der unveränderten, aus 527 Aminosäuren bestehenden Sequenz von t-PA, aus der Aminosäuresequenz Ser-⁸⁹Arg bis ⁵²⁷Pro von t-PA und/oder aus der Aminosäuresequenz ¹⁷⁴Ser bis ⁵²⁷Pro von t-PA besteht.
5. Proteine nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß in der Aminosäuresequenz der Formel I X₁ Pro, X₂ Val, X₃ Lys oder Val, X₄ Ala und X₅ Phe bedeuten.
6. Proteine nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, daß in der Aminosäuresequenz der allgemeinen Formel I Y₁ Phe, Y₂ Leu, Y₃ Leu und Y₄ Arg bedeuten.
7. Proteine nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, daß in der Aminosäuresequenz der Formel I Z die Aminosäuresequenz der Formel II oder der Formel IV bedeutet.
8. Plasmide zur Gewinnung eines chimären Proteins gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß das Operon einen regulierbaren Promotor, eine als Ribosomenbindestelle wirksame Shine-Dalgarno-Sequenz, ein Startcodon, ein synthetisches Strukturgen für ein chimäres Protein gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 und stromabwärts vom Strukturgen 1 oder 2 Terminatoren aufweist und daß die Plasmide zur Expression eines chimären Proteins mit fibrinolytischen Eigenschaften in Stämmen von Escherischia coli geeignet sind.
9. Plasmide nach Anspruch 8, ausgewählt aus der Gruppe pSE1 und pSE9.
10. Verfahren zur Herstellung von Plasmiden nach einem oder beiden der Ansprüche 8 bis 9, dadurch gekennzeichnet, daß man diese aus den Plasmiden pBlueskript KS II+, pUC8 und pGR201 gemäß Abbildungen 1 bis 12 gewinnt.
11. Verwendung eines Plasmids nach einem oder beiden der Ansprüche 8 bis 9 zur Gewinnung eines chimären Proteins gemäß Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß man mit einem Plasmid einen Escherischia coli-Stamm in an sich bekannter Weise transformiert, die Expression des Strukturgens induziert, das gebildete Vorstufenprotein vom Medium und den lysierten Bakterienzellen abtrennt, solubilisiert und anschließend durch Einwirkung eines Redox-Systems zum Protein mit fibrinolytischen Eigenschaften rückfaltet.
12. Thrombolytikum, das als Wirkstoff ein chimäres Protein gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 enthält.

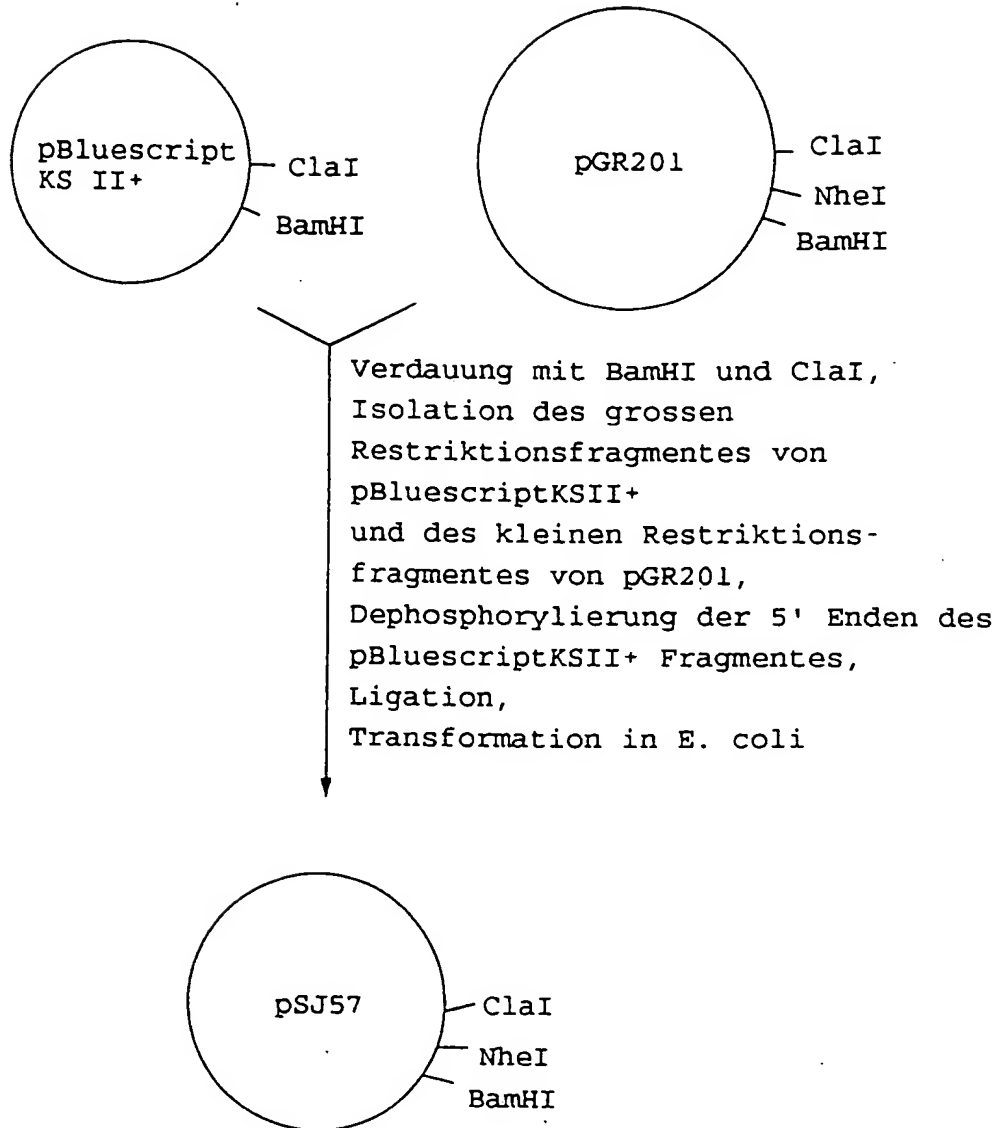


Abbildung 1

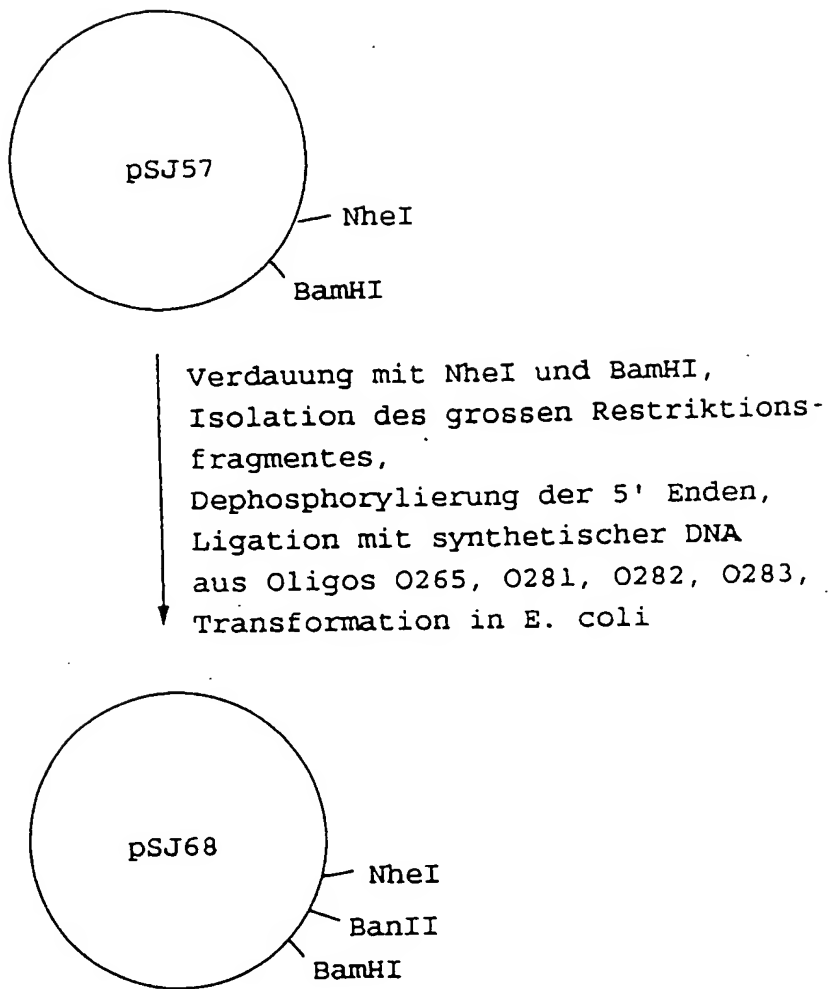


Abbildung 2

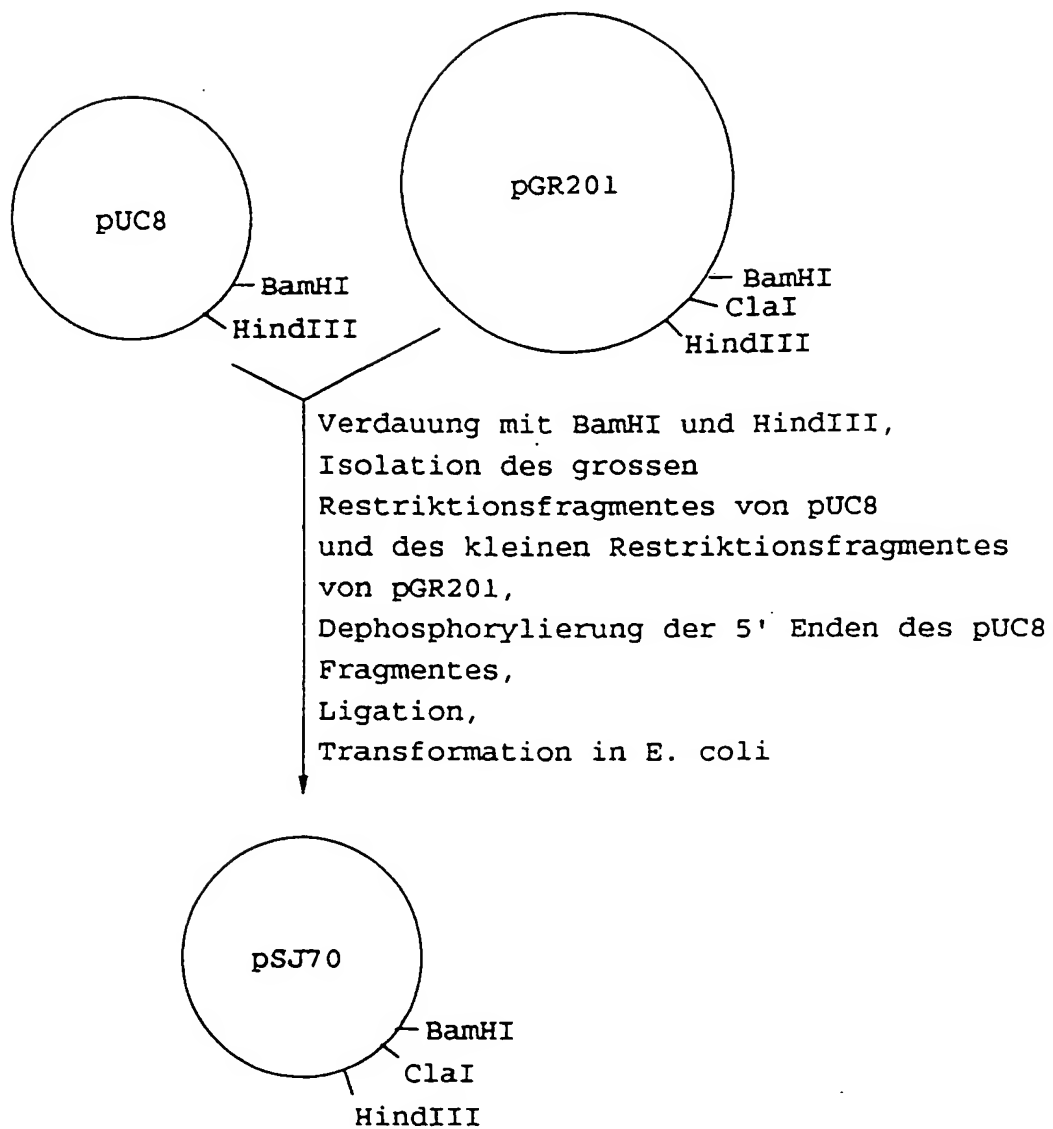


Abbildung 3

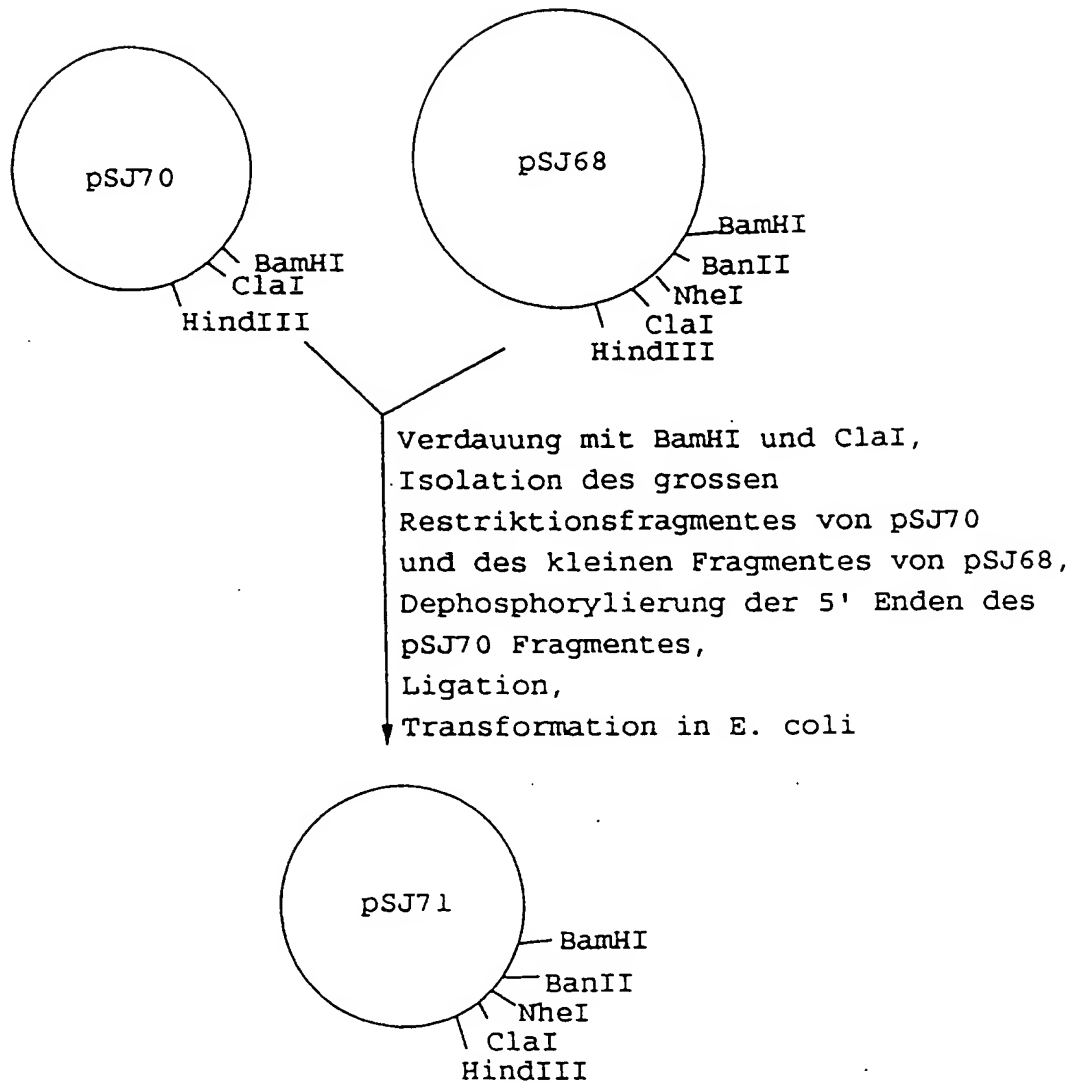


Abbildung 4

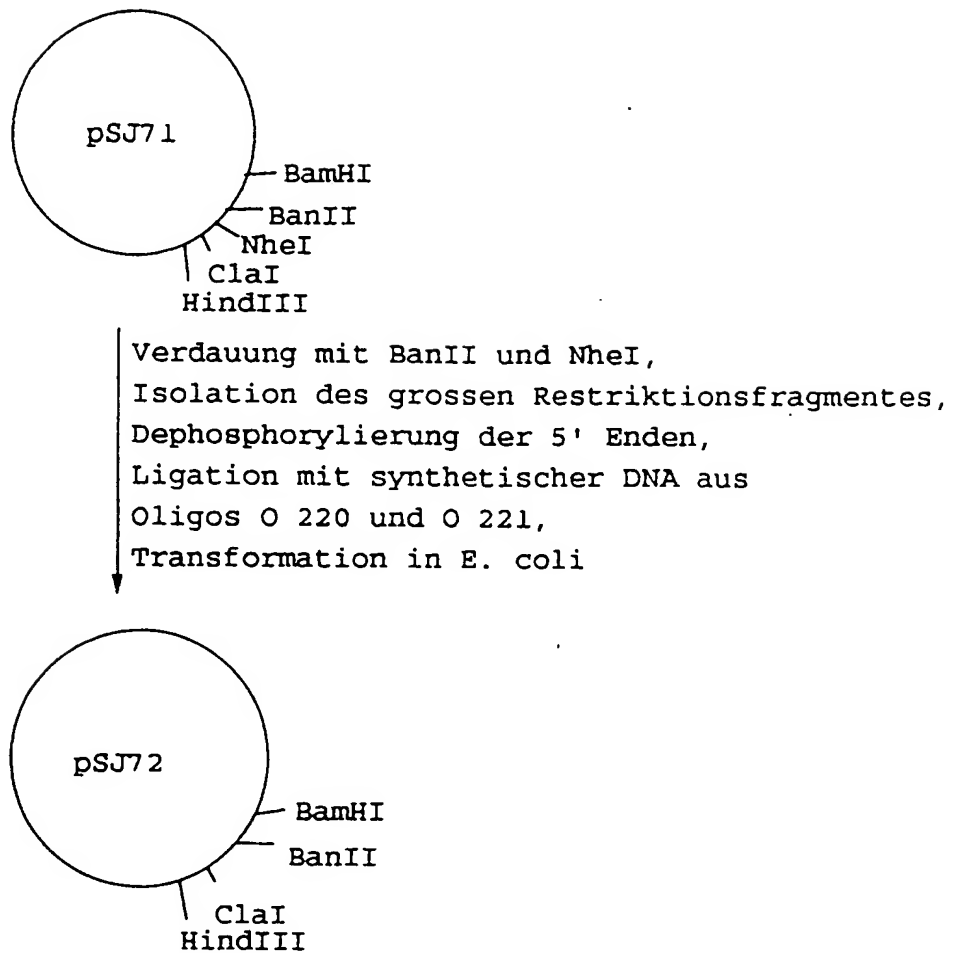


Abbildung 5

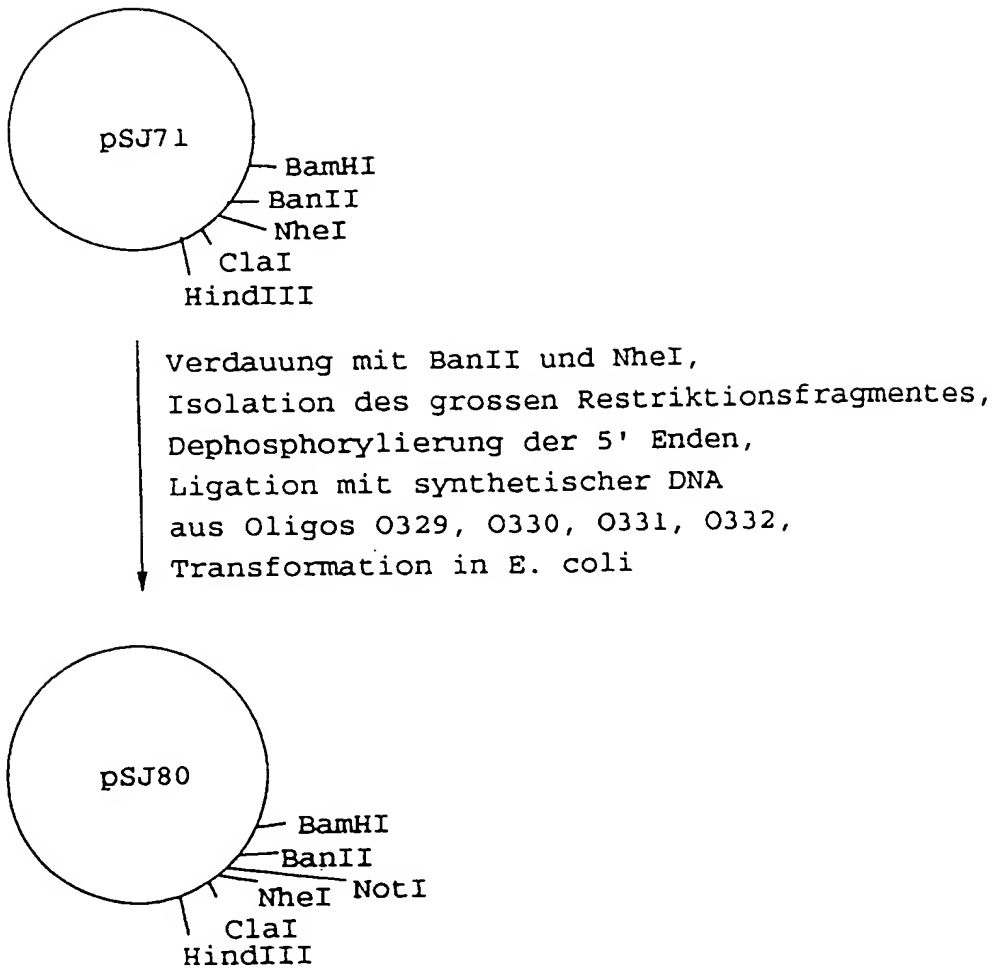
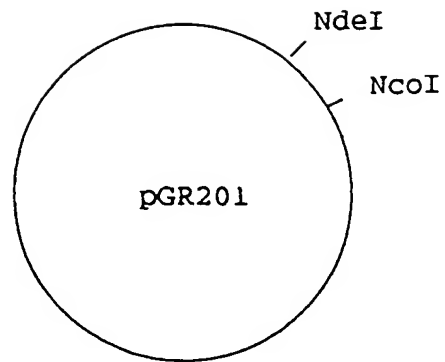


Abbildung 6



Verdauung mit NdeI und NcoI,
Isolation des grossen
Restriktionsfragmentes,
Dephosphorylierung der 5' Enden,
Ligation mit synthetischer DNA
aus Oligos 0105 und 0106,
Transformation in E. coli

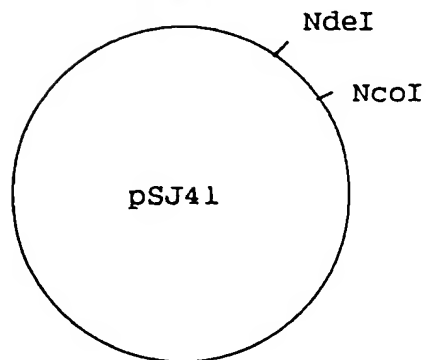


Abbildung 7

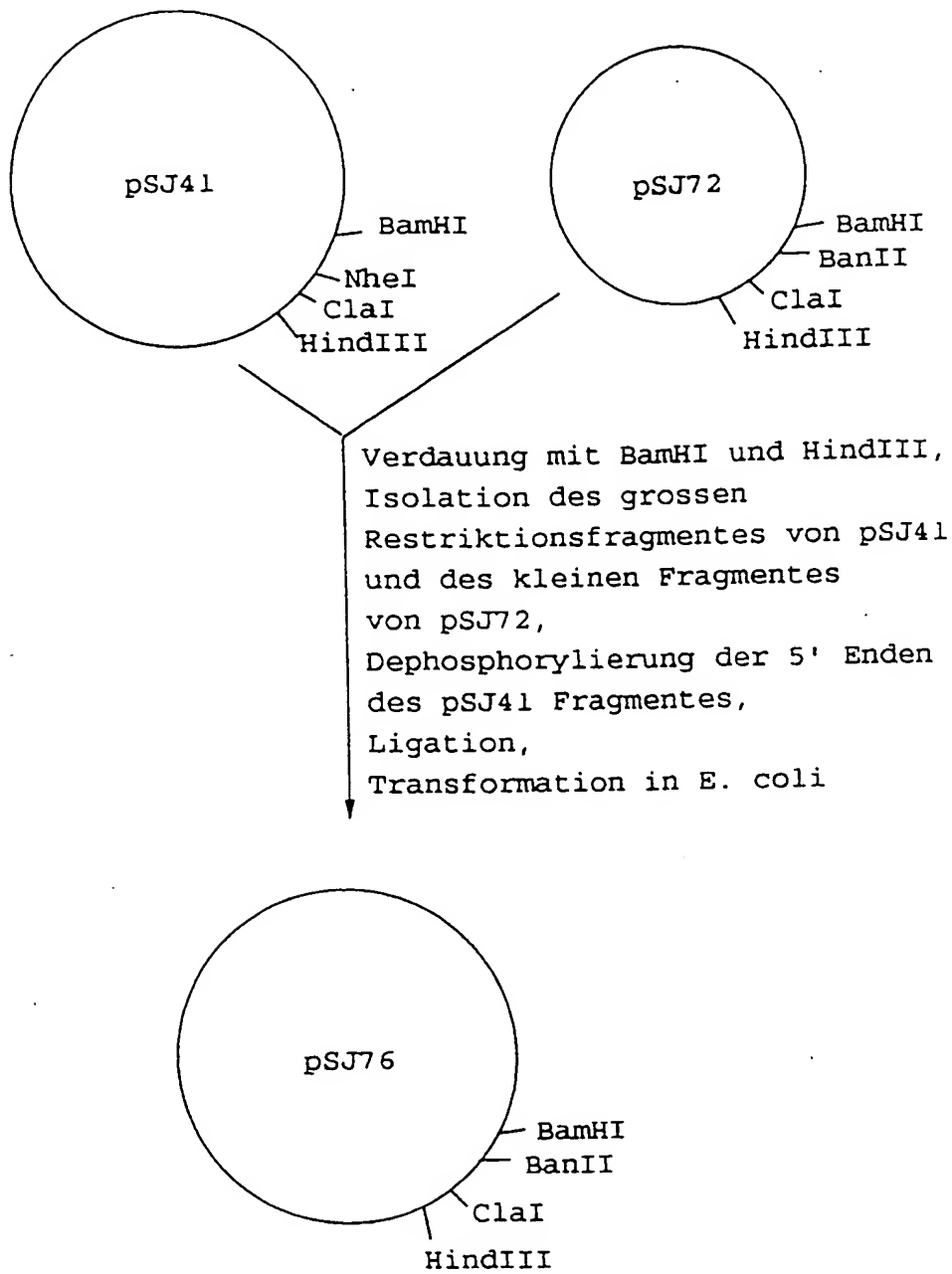


Abbildung 8

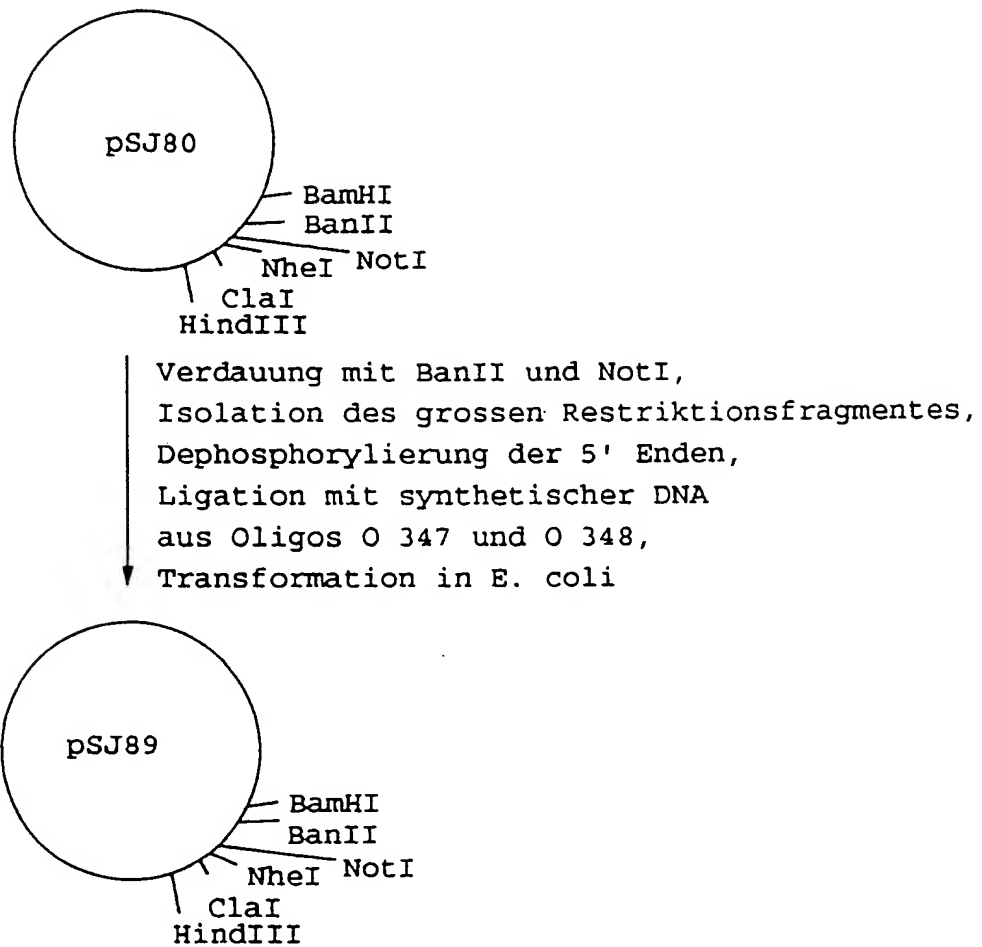


Abbildung 9

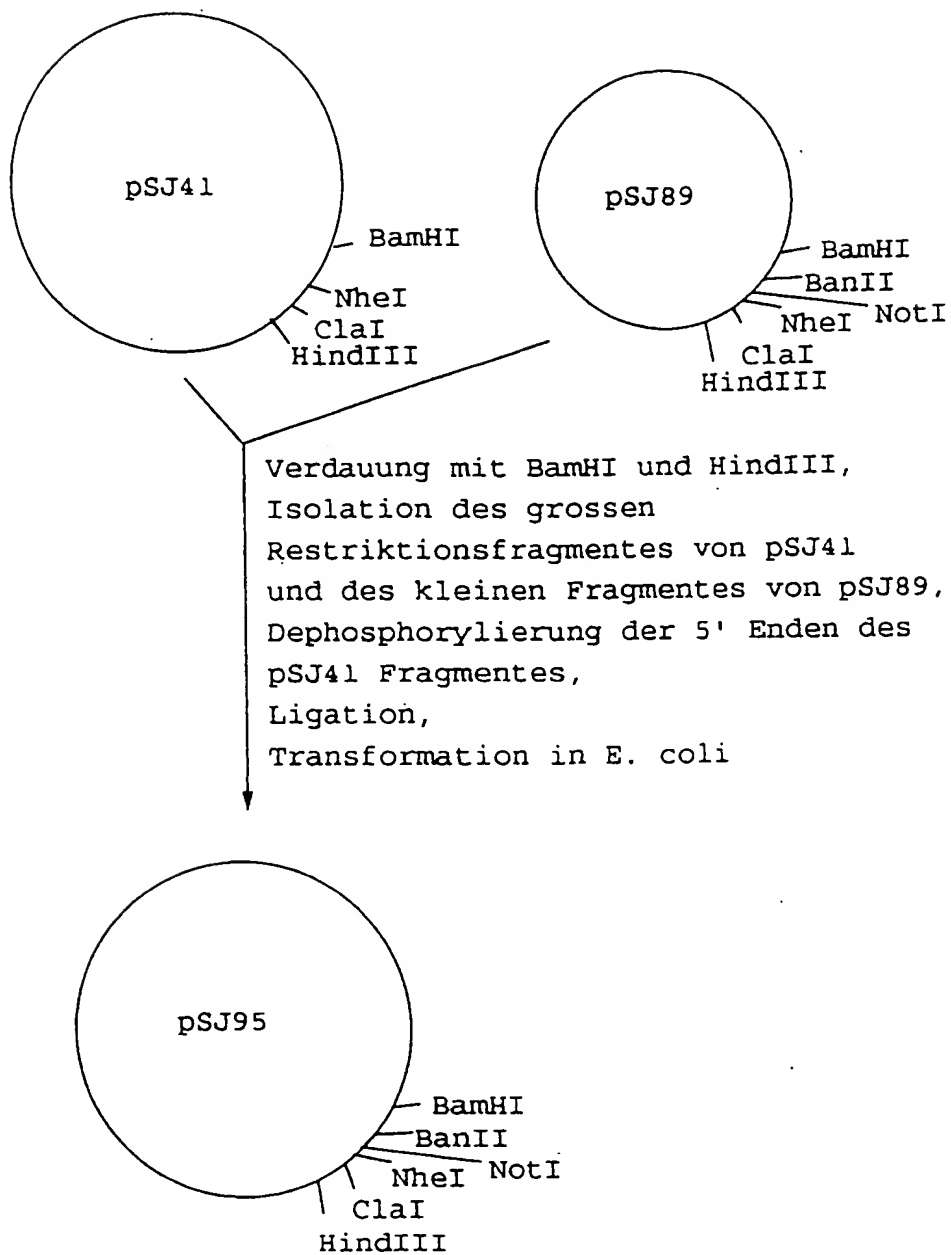


Abbildung 10

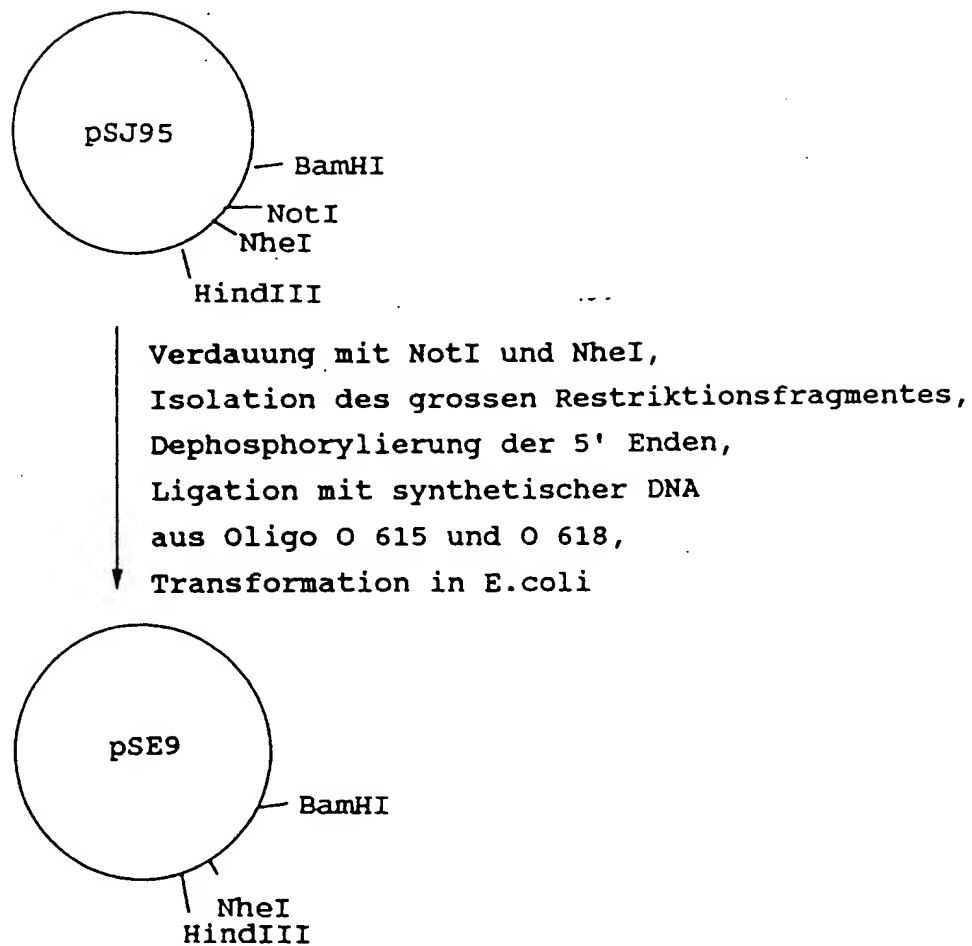


Abbildung 11

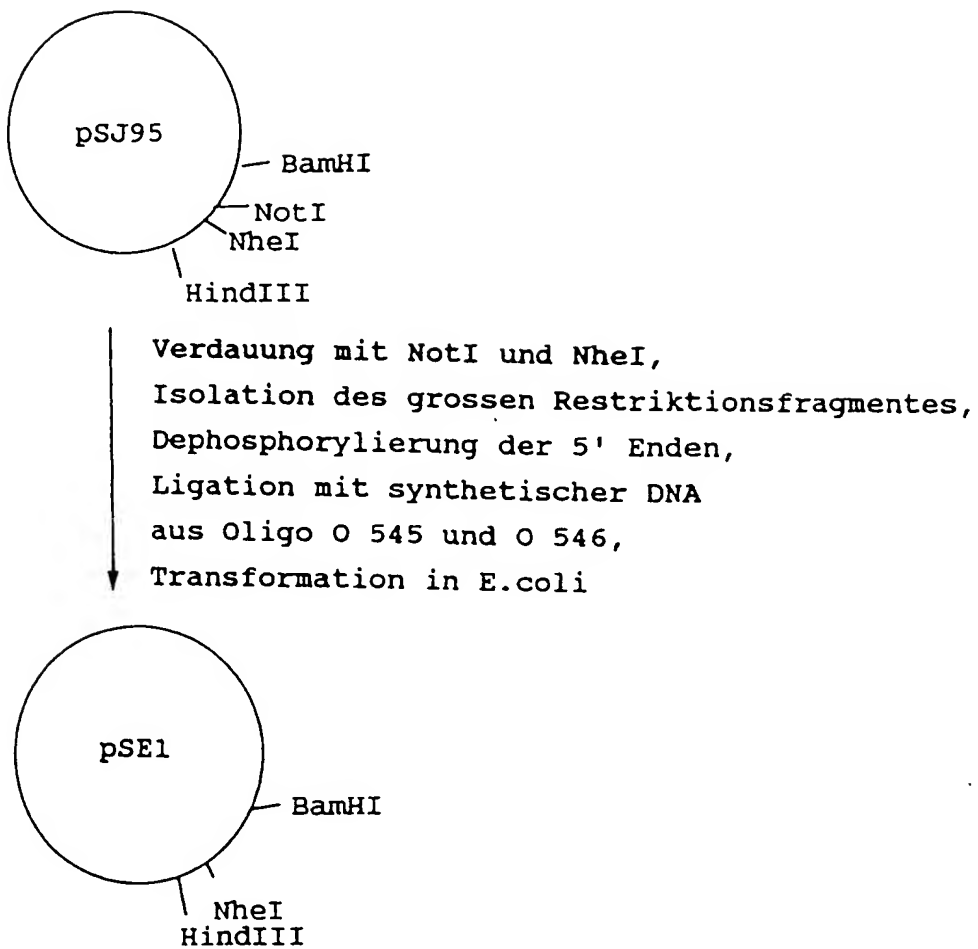


Abbildung 12

Abbildung 13: Aminosäuresequenz von M37 (SEQ ID NO:24)

Met-Ser-Lys-Thr-Cys-Tyr-Glu-Gly-Asn-Gly-His-Phe-Tyr-Arg-Gly-Lys-Ala-Ser-Thr-Asp-Thr-Met-Gly-Arg-Pro-Cys-Leu-Pro-Trp-Asn-Ser-Ala-Thr-Val-Leu-Gln-Gln-Thr-Tyr-His-Ala-His-Arg-Ser-Asp-Ala-Leu-Gln-Leu-Gly-Leu-Gly-Lys-His-Asn-Tyr-Cys-Arg-Asn-Pro-Asp-Asn-Arg-Arg-Arg-Pro-Trp-Cys-Tyr-Val-Gln-Val-Gly-Leu-Lys-Pro-Leu-Val-Gln-Glu-Cys-Met-Val-His-Asp-Cys-Ala-Asp-Gly-Lys-Lys-Pro-Ser-Ser-Pro-Pro-Glu-Glu-Leu-Lys-Phe-Gln-Cys-Gly-Gln-Lys-Thr-Leu-Arg-Pro-Arg-Phe-Lys-Ile-Ile-Gly-Gly-Glu-Phe-Thr-Thr-Ile-Glu-Asn-Gln-Pro-Trp-Phe-Ala-Ala-Ile-Tyr-Arg-Arg-His-Arg-Gly-Gly-Ser-Val-Thr-Tyr-Val-Cys-Gly-Gly-Ser-Leu-Ile-Ser-Pro-Cys-Trp-Val-Ile-Ser-Ala-Thr-His-Cys-Phe-Ile-Asp-Tyr-Pro-Lys-Lys-Glu-Asp-Tyr-Ile-Val-Tyr-Leu-Gly-Arg-Ser-Arg-Leu-Asn-Ser-Asn-Thr-Gln-Gly-Glu-Met-Lys-Phe-Glu-Val-Glu-Asn-Leu-Ile-Leu-His-Lys-Asp-Tyr-Ser-Ala-Asp-Thr-Leu-Ala-His-His-Asn-Asp-Ile-Ala-Leu-Leu-Lys-Ile-Arg-Ser-Lys-Glu-Gly-Arg-Cys-Ala-Gln-Pro-Ser-Arg-Thr-Ile-Gln-Thr-Ile-Cys-Leu-Pro-Ser-Met-Tyr-Asn-Asp-Pro-Gln-Phe-Gly-Thr-Ser-Cys-Glu-Ile-Thr-Gly-Phe-Gly-Lys-Glu-Asn-Ser-Thr-Asp-Tyr-Leu-Tyr-Pro-Glu-Gln-Leu-Lys-Met-Thr-Val-Val-Lys-Leu-Ile-Ser-His-Arg-Glu-Cys-Gln-Gln-Pro-His-Tyr-Tyr-Gly-Ser-Glu-Val-Thr-Thr-Lys-Met-Leu-Cys-Ala-Ala-Asp-Pro-Gln-Trp-Lys-Thr-Asp-Ser-Cys-Gln-Gly-Asp-Ser-Gly-Gly-Pro-Leu-Val-Cys-Ser-Leu-Gln-Gly-Arg-Met-Thr-Leu-Thr-Gly-Ile-Val-Ser-Trp-Gly-Arg-Gly-Cys-Ala-Leu-Lys-Asp-Lys-Pro-Gly-Val-Tyr-Thr-Arg-Val-Ser-His-Phe-Leu-Pro-Trp-Ile-Arg-Ser-His-Thr-Lys-Glu-Glu-Asn-Gly-Leu-Ala-Leu-Ser-Pro-Val-Val-Ala-Phe-Pro-Arg-Pro-Phe-Leu-Leu-Arg-Asn-Pro-Gly-Asp-Phe-Glu-Glu-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln

Abbildung 14: Aminosäuresequenz von M38 (SEQ ID NO:25)

Met-Ser-Lys-Thr-Cys-Tyr-Glu-Gly-Asn-Gly-His-Phe-Tyr-Arg-Gly-Lys-Ala-Ser-Thr-Asp-Thr-Met-Gly-Arg-Pro-Cys-Leu-Pro-Trp-Asn-Ser-Ala-Thr-Val-Leu-Gln-Gln-Thr-Tyr-His-Ala-His-Arg-Ser-Asp-Ala-Leu-Gln-Leu-Gly-Leu-Gly-Lys-His-Asn-Tyr-Cys-Arg-Asn-Pro-Asp-Asn-Arg-Arg-Arg-Pro-Trp-Cys-Tyr-Val-Gln-Val-Gly-Leu-Lys-Pro-Leu-Val-Gln-Glu-Cys-Met-Val-His-Asp-Cys-Ala-Asp-Gly-Lys-Lys-Pro-Ser-Ser-Pro-Pro-Glu-Glu-Leu-Lys-Phe-Gln-Cys-Gly-Gln-Lys-Thr-Leu-Arg-Pro-Arg-Phe-Lys-Ile-Ile-Gly-Gly-Glu-Phe-Thr-Thr-Ile-Glu-Asn-Gln-Pro-Trp-Phe-Ala-Ala-Ile-Tyr-Arg-Arg-His-Arg-Gly-Gly-Ser-Val-Thr-Tyr-Val-Cys-Gly-Gly-Ser-Leu-Ile-Ser-Pro-Cys-Trp-Val-Ile-Ser-Ala-Thr-His-Cys-Phe-Ile-Asp-Tyr-Pro-Lys-Lys-Glu-Asp-Tyr-Ile-Val-Tyr-Leu-Gly-Arg-Ser-Arg-Leu-Asn-Ser-Asn-Thr-Gln-Gly-Glu-Met-Lys-Phe-Glu-Val-Glu-Asn-Leu-Ile-Leu-His-Lys-Asp-Tyr-Ser-Ala-Asp-Thr-Leu-Ala-His-His-Asn-Asp-Ile-Ala-Leu-Leu-Lys-Ile-Arg-Ser-Lys-Glu-Gly-Arg-Cys-Ala-Gln-Pro-Ser-Arg-Thr-Ile-Gln-Thr-Ile-Cys-Leu-Pro-Ser-Met-Tyr-Asn-Asp-Pro-Gln-Phe-Gly-Thr-Ser-Cys-Glu-Ile-Thr-Gly-Phe-Gly-Lys-Glu-Asn-Ser-Thr-Asp-Tyr-Leu-Tyr-Pro-Glu-Gln-Leu-Lys-Met-Thr-Val-Val-Lys-Leu-Ile-Ser-His-Arg-Glu-Cys-Gln-Gln-Pro-His-Tyr-Tyr-Gly-Ser-Glu-Val-Thr-Thr-Lys-Met-Leu-Cys-Ala-Ala-Asp-Pro-Gln-Trp-Lys-Thr-Asp-Ser-Cys-Gln-Gly-Asp-Ser-Gly-Gly-Pro-Leu-Val-Cys-Ser-Leu-Gln-Gly-Arg-Met-Thr-Leu-Thr-Gly-Ile-Val-Ser-Trp-Gly-Arg-Gly-Cys-Ala-Leu-Lys-Asp-Lys-Pro-Gly-Val-Tyr-Thr-Arg-Val-Ser-His-Phe-Leu-Pro-Trp-Ile-Arg-Ser-His-Thr-Lys-Glu-Glu-Asn-Gly-Leu-Ala-Leu-Ser-Pro-Val-Val-Ala-Phe-Pro-Arg-Pro-Phe-Leu-Leu-Arg-Asn-Pro-Asn-Asp-Lys-Tyr-Glu-Pro-Phe-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln